



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE



Université des Frères Mentouri Constantine 1
Faculté des Sciences de la Nature et de la Vie

جامعة الاخوة منتوري قسنطينة 1
كلية علوم الطبيعة و الحياة

Département : Biologie et Ecologie Végétale

قسم : البيولوجيا و علم البيئة النباتية

Mémoire présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Master

Domaine : Sciences de la Nature et de la Vie

Filière : Biotechnologies

Spécialité : *Biotechnologie et Génomique Végétale*

Intitulé :

**Analyse comparative de la réponse de deux variétés de blé dur
(*Triticum durum* Desf.) au stade germination et recherche in silico de
gènes MYB impliqués dans l'adaptation à la salinité.**

Présenté et soutenu par : *Djouabli Ahlem*

Le : 08/10/2020

Jury d'évaluation :

Président du jury:	Mr. KELLOU Kamel	MAA UFM Constantine 1
Encadrant:	Melle. HAMLIA Chourouk	MCB UFM Constantine 1
Examineur:	Mr. TAMAGOULT Mahmoud	MAA UFM Constantine 1

*Année universitaire
2019 - 2020*

Remerciements

Tout d'abord, je rends grâce à Dieu pour sa miséricorde et ses bénédictions.

J'adresse mes plus sincères remerciements au Pr. DJEKOUN Abdelhamid et au Pr. YKHLLEF Nadia qui m'ont offert l'opportunité de réaliser ce mémoire dans leur laboratoire.

C'est avec sincérité que j'exprime ma gratitude et mon profond respect à mon encadrant Dr. HAMLIA Chourouk, Maître de conférences à l'Université Frères Mentouri Constantine 1 pour avoir proposé ce thème ainsi que pour m'avoir formé et dirigé jusqu'à l'aboutissement de ce travail. Je lui témoigne ma profonde gratitude pour sa disponibilité totale, ses conseils, sa gentillesse et surtout pour m'avoir poussé à me surpasser.

Mes plus vifs remerciements s'adressent aussi :

À Mr. KELLOU Kamel, Maître assistant à l'Université Frères Mentouri Constantine 1 qui a bien voulu me faire l'honneur de présider le jury.

Ainsi qu'à Mr. TEMAGOULT Mahmoud, Maître assistante à l'Université Frères Mentouri Constantine 1 pour avoir accepté d'examiner ce modeste travail et d'être membre de ce jury.

Je tiens également à remercier le personnel technique du laboratoire de Génétique Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV) : Mr. BELBEKRI Nadir et M^{lle}. ZAHRAOUI Chafika pour leur aide.

À tous mes enseignants et en particulier l'équipe de Biotechnologie et Génomique Végétale.

À tous mes collègues et tous ceux qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce travail, mais qui ne sont pas cités ici, je les remercie très chaleureusement.

Dédicace

C'est avec un énorme plaisir et une immense joie que je dédie mon travail:

À mes très chers et précieux parents, mes mères Fatima Zohra et Abba et mon père Amar pour leur patience, leur amour et leur soutien. Pour m'avoir motivé et poussé à aller de l'avant dans mes études.

À ma sœur Amani et mes frères Chouaib et Younes, pour qui je souhaite une vie pleine de réussite avec un avenir radieux.

À la mémoire de mes grands-parents paternels, que Dieu leur accorde la paix éternelle et les accueille dans son vaste paradis.

À mes grands-parents maternels que Dieu les protège de tout mal.

À toute ma famille et tous mes proches, même si je ne les cite pas chacun par leur nom.

Je tiens à dédier ce mémoire à mes très chères amies Achwak, Sawsan, Soumia, Khawla, Nedjma, Rahma, Imad et à tous mes collègues de la promo BTGV 2019 et 2020.

AHLEM

Analyse comparative de la réponse de deux variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au stade germination et recherche *in silico* de gènes MYB impliqués dans l'adaptation à la salinité.

Résumé :

La salinité est un problème largement répandu qui influence sérieusement la production et la qualité du blé dans le monde. C'est l'un des principaux stress abiotiques limitant la productivité du blé dur (*Triticum durum* Desf.) en Algérie. L'étude a porté sur la réponse au stress salin au stade germination de deux variétés de blé dur cultivées en Algérie. L'expérimentation a été réalisée dans une chambre de culture à température et à photopériode contrôlées. Les graines ont été mises à germer dans des boîtes de Pétri contenant des concentrations croissantes en sel (NaCl) allant de 0, 3, 6, 9, 12 g/l. Différents paramètres ont été considérés : taux de germination finale, cinétique de germination, germination moyenne journalière, vitesse de germination, longueur racinaire et foliaire, longueur du coléoptile, nombre de racines, réversibilité de l'action du sel ainsi que deux indices de germinations. L'application d'une pression de sélection par ajout de NaCl a eu un effet dépressif sur le taux de germination ainsi que sur la croissance biologique des plantules. Cependant, cet effet varie en fonction de l'intensité du stress et de la variété en question. La variété Beliouni s'est montrée la plus tolérante au stress salin comparativement à la variété Waha qui s'est montrée la moins tolérante. Une approche *in silico* a également été employée afin de caractériser des gènes appartenant à la famille des facteurs de transcription MYB jouant un rôle potentiel dans la réponse mise en place face à la salinité.

Mots clés : Blé dur, stress salin, germination, NaCl, recherche *in silico*.

Comparative analysis of two durum wheat (*Triticum durum* Desf.) varieties response at germination stage and *in silico* research of MYB genes involved in salt adaptation.

Abstract:

Salinity is a widespread problem that seriously influences the production and the quality of wheat around the world. It is one of the main abiotic stresses limiting the productivity of durum wheat. The study focused on the response to salt stress at germination stage of two durum wheat varieties cultivated in Algeria. The experimentation was carried out in a growth chamber whose temperature and photoperiod were controlled. The seeds are germinated in Petri dishes containing increasing concentrations of salt (NaCl) from 0 g /l to 12 g /l. Various parameters were considered: final germination rate, germination kinetics, mean germination time, germination speed, root and shoot length, coleoptile length, root number, the reversibility of salt action as well as two germination indexes. Applying a selecting pressure by adding NaCl had a depressive effect on the germination and biological seedling growth. However, this effect varies with the intensity of stress and variety. The variety Belioni proved to be the most tolerant to salt stress while the variety waha proved the least tolerant. An *in silico* approach was also carried out to characterize genes belonging to the MYB family of transcription factors playing a potential role in the response to salinity.

Key words: Durum wheat, Salt stress, Germination, NaCl, *in silico* research.

تحليل مقارن لاستجابة صنفين من القمح الصلب (*Triticum durum* Desf.) في مرحلة الانبات والبحث *in silico* عن الجينات MYB المشتركة في الآليات التكيف مع الملوحة

ملخص

تعتبر الملوحة مشكلة واسعة الانتشار تؤثر بشكل كبير على انتاج وجودة القمح في جميع انحاء العالم. هي واحدة من اهم الاجهادات اللاحيوية التي تحد من إنتاجية القمح الصلب. ركزت الدراسة على الاستجابة للإجهاد الملحي في مرحلة الانبات لنوعين من القمح الصلب المزروع في الجزائر. تم اجراء التجربة في غرفة تحت درجة حرارة وفترة ضوئية مضبوطتان. تم انبات البذور في علب بتري التي تحتوي على تركيزات متزايدة من الملح (من 0 الى 12 غرام/لتر)، تم الأخذ في الاعتبار العديد من المؤشرات القياسية: معدل الانبات النهائي، حركية الانبات، متوسط وقت الانبات، سرعة الانبات ، طول الجذور والأوراق، طول السويقات، عدد الجذور، انعكاس تأثير الملح بالإضافة الى مؤشرين إنبات. تطبيق ضغط الانتقاء بإضافة كلوريد الصوديوم كان له تأثير سلبي على معدل الانبات وعلى النمو البيولوجي للشتلات ومع ذلك، فإن هذا التأثير يختلف باختلاف شدة الإجهاد و التنوع. تبين ان صنف Belioni هو الأكثر تحملا للإجهاد الملحي بينما صنف Waha كان الأقل تحملا. كما تم استخدام البحث *in silico* لوصف الجينات التي تنتمي الى عائلة عوامل النسخ MYB التي تلعب دور محتملا في الاستجابة للملوحة.

الكلمات المفتاحية: القمح الصلب، الاجهاد الملحي، الانبات، كلوريد الصوديوم، البحث *in silico*.

Liste des tableaux

Liste des tableaux

Tableaux	Page
Tableau 1: Classification taxonomique du blé dur.....	5
Tableau 2: Pédigrées, origines et acronymes des génotypes étudiés et leurs caractéristiques.....	21
Tableau 3: Carrés moyens de l'analyse de variance du pourcentage de germination finale (G, %), de la moyenne de germination journalière (MDG, %) et de la vitesse de germination (VG, %) des deux variétés de blé dur testées.....	34
Tableau 4: Moyennes des indices GI et GSI calculées pour les différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) chez les deux variétés étudiées.....	35
Tableau 5: Carrés moyens de l'analyse de variance de l'indice de germination (GI) et de l'indice de tolérance au stress de la germination (GSI, %) des deux variétés de blé dur testées.....	36
Tableau 6: Carrés moyens de l'analyse de variance de longueur racinaire (LR, cm), du nombre des racines (NBR), de la longueur du coléoptile (LC, cm) et de la longueur des feuilles (LF, cm) des deux variétés de blé dur testées.....	41
Tableau 7: Recherche de la séquence souhaitée dans la catégorie Protéine.....	43
Tableau 8: Recherche de similarité au moyen de BLAST.....	45
Tableau 9: Recherche de la séquence souhaitée dans la catégorie gène.....	50

Liste des figures

Liste des figures

Figures	Page
Figure 1: Événements de polyploidisation ayant abouti à la formation des blé cultivés.....	4
Figure 2: Courbe théorique d'imbibition d'une semence.....	9
Figure 3: Représentation générale de la réponse au stress chez les plantes.....	11
Figure 4: Voies de signalisation responsable de l'exclusion du N^+ sous stress salin	13
Figure 5: L'exclusion et la compartimentation vacuolaire du Na^+	14
Figure 6: Classes de facteurs de transcription MYB chez les plantes.....	18
Figure 7: Dispositif utilisé pour la germination.....	23
Figure 8: Evolution de la capacité de germination sous condition contrôle (0g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9, 12 g/l) chez les deux variétés de blé dur étudiées.....	28
Figure 9: Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la cinétique de germination de la variété Beliouni.....	30
Figure 10: Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la cinétique de germination de la variété Waha.....	30
Figure 11: Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la germination moyenne journalière de la variété Beliouni.....	32
Figure 12 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la germination moyenne journalière de la variété Waha.....	33
Figure 13 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la vitesse de germination chez les variétés de blé dur étudiées.	33
Figure 14: Evolution de la longueur racinaire sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.....	37
Figure 15: Evolution de le Nombre des racines sous condition contrôle (0g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.....	38
Figure 16: Evolution de la Longueur du coléoptile sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.....	40
Figure 17: Evolution de la Longueur des feuilles sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.....	41

Liste des abréviations et des acronymes

Liste des abréviations et des acronymes

ABA	Acide abscissique.
ATPases	H ⁺ adénosine triphosphatases.
B	Beliouni.
bZIP	Basic Leucine Zipper.
CDPK	Ca ²⁺ Dependent Protein kinases.
EREBP	Ethylene-Responsive Element Binding Proteins.
ERF	Ethylene Responsive Factor.
GPCR	G-Protein Coupled Receptor.
HK	Histidine Kinase.
HKT1	Sodium Transporter.
Trp	Tryptophan
LEA	Late Embryogenesis Abundant proteins.
MAPK	Mitogen Activated Protein Kinase.
MYB	Protéine de facteur de transcription.
NaCl	chlorure de sodium.
NHX1	Sodium/Hydrogen exchanger1.
PIB	Produit Intérieur Brut.
PPases	H ⁺ pyrophosphatases.
RLKs	Receptor-Like Kinases.
SOS	Salt Overly Sensitive.
StLRPK1	Leucine-rich Repeat Receptor-like Kinase.
W	Waha.

Sommaire

Introduction	1
--------------------	---

CHAPITRE I : Revue bibliographique

1. Le blé.....	3
1.1. Généralité	3
1.2. Historique et répartition géographique.....	3
1.3. Origine génétique	4
1.4. Classification botanique et description	5
1.5. Importance et utilisation.....	6
2. Le stress salin chez les plantes	6
2.1. Notion de stress	6
2.2. Stress salin.....	7
2.3. Stress salin et germination	7
2.3.1. Définition du processus de la germination.....	7
2.3.2. Phases et mécanismes physiologique de la germination.....	8
2.3.3. Les facteurs de la germination	9
2.3.4. Effet du stress salin sur la germination	9
1.5. Importance et utilisation.....	6
3. Mécanismes de tolérance au stress salin	10
3.1. Homéostasie ionique	11
3.1.1. L'exclusion des sels.....	12
3.1.2. La compartimentation vacuolaire ou l'inclusion.....	13
3.1.3. La sélectivité	14
3.2. Homéostasie osmotique.....	15
4. Salinité et expression génique	15
4.1. Perception du signal du stress salin.....	16
4.2. Transduction du signal et cascades de signalisation	16
4.3. Les facteurs de transcription	17
4.1.1. Les facteurs de transcription MYB	17
• Caractéristiques et classification des MYB chez les plantes	18
• Rôles des MYB chez les plantes	19
5. Étude des mécanismes moléculaires de réponse au stress	20

CHAPITRE II : Matériel et méthodes

1. Matériel végétal.....	21
2. Mise en place de l'essai.....	22
3. Paramètres étudiés.....	23
3.1. Taux de germination final (G, %)	23
3.2. Cinétique de germination (CG, %).....	24
3.3. Germination moyenne journalière (MDG, %)	24

Sommaire

3.4. Vitesse de germination (VG).....	24
3.5. Index de la germination (GI)	25
3.6. Index de la tolérance au stress de la germination (GSI)	25
3.7. Longueur racinaire (LR, cm).....	25
3.8. Nombre des racines (NBR).....	26
3.9. Longueur du coléoptile (LC, cm).....	26
3.10. Longueur des feuilles (LC, cm)	26
3.11. Réversibilité de l'action du sel	26
3.12. Analyse et traitements des données	26
4. Recherche de gènes codant pour les facteurs de transcriptions MYB dans NCBI (approche <i>in silico</i>).....	27
4.1. Recherche sur NCBI	27

CHAPITRE III : Résultats et discussion

1. Effet du stress salin sur la germination.....	28
1.1. Taux de germination final (G, %)	28
1.2. Cinétique de germination (CG, %).....	29
1.3. Germination moyenne journalière (MDG, %) et vitesse de germination (VG)	31
1.4. Indice de la germination (GI) et de tolérance au stress de la germination (GSI, %).....	35
1.5. Longueur racinaire (LR, cm)	36
1.6. Nombre des racines (NBR)	38
1.7. Longueur du coléoptile (LC, cm)	39
1.8. Longueur des feuilles (LF, cm).....	40
1.9. Réversibilité de l'action du sel	42
2. Résultat de la recherche sur NCBI	43
Conclusion	53
Références bibliographiques	55
Annexes	68

Introduction

Introduction

Introduction

L'Algérie, troisième importateur mondial de blé, cultive les céréales sur 3,5 millions d'hectares (Agro, 2019). Cette culture constitue d'ailleurs la principale base du régime alimentaire pour les consommateurs algériens et le secteur agricole contribue à hauteur de 12 % au PIB (Produit Intérieur Brut) (Ammar, 2014).

Néanmoins, le rendement en grain du blé, actuellement, ne permet pas d'atteindre l'autosuffisance et donc de couvrir les besoins du marché national tout en alimentant les stocks. La production étant sujette à la variabilité climatique et aux effets néfastes des stress abiotiques qui se traduisent par des contraintes salines et hydriques (Benseddik et khelloufi, 2000).

La tolérance vis-à-vis des sels tel que le chlorure de sodium, est de ce fait un caractère très convoité chez les végétaux d'intérêt agronomique afin d'élargir leur culture dans les régions soumises à ce type de stress. La réponse des espèces végétales au sel dépend de leurs génotypes, de la concentration en sel, des conditions de culture et du stade de développement de la plante. Globalement, le blé est considéré comme relativement plus tolérant au sel, par comparaison à l'orge et au triticale (Aloui et *al.*, 2013). La salinité va avoir une incidence néfaste même à un stade précoce du développement en affectant entre autres la capacité de germination des graines (Ben Khaled et *al.*, 2007).

Cet impact négatif est généralement associé au faible potentiel osmotique de la solution du sol et au niveau élevé de toxicité du sodium. Ces éléments provoquent des perturbations multiples aux niveaux moléculaires, biochimiques et physiologiques. La réaction d'une plante face à un stress commence par sa perception puis s'en suit la transduction des signaux par des messagers pour finir par l'activation des réponses physiologiques et métaboliques appropriées (Mahjoub, 2018). Parmi les facteurs de transcription impliqués dans ce type de réponse on retrouve les MYB. Cette famille largement répandue chez les plantes, est caractérisée par un domaine hautement conservé leur conférant leur aptitude à se lier à l'ADN (Ghandour, 2016).

Vue l'importance de la phase germinative des semences dans le déroulement des stades ultérieurs de développement et de croissance des plantes, nous avons entrepris une étude sur deux variétés Algériennes de blé dur en les soumettant à des différentes concentrations de

Introduction

NaCl, afin d'observer leur comportement germinatif et leur croissance vis-à-vis de ce stress. Nous avons par la suite mené une étude *in silico* pour caractériser des gènes appartenant à la famille des facteurs de transcription MYB jouant un rôle potentiel dans la réponse mise en place face à la salinité.

Ce mémoire s'ouvre sur une introduction suivie par trois grands chapitres:

- Le 1^{er} chapitre, constitue une analyse bibliographique portant sur l'origine et l'importance du matériel végétal ayant fait l'objet de cette étude. Sur les effets du stress salin sur les plantes et les mécanismes de réponse mise en place en évoquant les facteurs de transcription de type MYB.
- Le 2^{ème} chapitre, comporte une description du matériel végétal, des conditions de culture, des variables choisis, ainsi qu'une étude *in silico* de gènes appartenant à la famille des facteurs de transcription MYB.
- Tandis que le 3^{ème} chapitre, est consacré aux résultats obtenus et à leurs discussions. En clôturant le manuscrit par une conclusion faisant le point sur l'ensemble du travail.

Chapitre I: Revue bibliographique

Chapitre I : Revue bibliographique

1. Le blé

1.1. Généralité

Les céréales sont des espèces généralement cultivées pour leur grain, dont l'albumen amylicé, réduit en farine, est comestible pour l'homme. Le blé, l'orge, l'avoine, le seigle, le maïs, le riz, le millet et le sorgho ; regroupent des plantes appartenant à la famille des Graminées (ou Poacées) (Mouille, 1971). Près d'un milliard de tonnes sont produits, annuellement dans le monde ; le blé et le riz restent en tête de liste en terme de production (Aboudaou, 2011).

En Algérie également, les produits céréaliers occupent une place stratégique dans le système alimentaire et dans l'économie nationale. Cette caractéristique est perçue d'une manière claire à travers toutes les phases de la filière (Djermoun, 2009). Parmi ces céréales, le blé occupe une place de choix dans l'alimentation des populations algériennes. Il représente la principale spéculation et draine plusieurs activités de transformation, en semoulerie, en boulangerie et en industrie alimentaire. En raison de la place capitale qu'occupe cette graminée, elle fait perpétuellement l'objet de recherche de variétés adaptées capables de supporter les conditions du milieu semi-aride (Megherbi et *al.*, 2012).

1.2. Historique et répartition géographique

Depuis la naissance de l'agriculture, le blé est à la base de l'alimentation de l'homme (Ruel, 2006). Les premières traces d'une graminée sauvage ancêtre du blé remontent à plus de 500.000 ans (Mesrane, 2018). Quant à la découverte du blé, elle semble avoir été faite en l'an 15000 avant Jésus-Christ dans la région du croissant fertile. Cette zone constitue un vaste territoire comprenant la Syrie, la Jordanie, la Palestine, l'Iraq, l'Iran et la Turquie (Lev-Yadun et *al.*, 2000). Plusieurs scientifiques ont suggéré, sur la base de divers éléments botaniques, génétiques et archéologiques, que le creuset de notre céréaliculture se situerait en une zone plus limitée dudit croissant fertile (Lev-Yadun et *al.*, 2000).

Chapitre I : Revue bibliographique

1.3. Origine génétique

Les deux espèces de céréales les plus cultivées sont le blé tendre (*Triticum aestivum*) et le blé dur (*Triticum durum*) (Feillet, 2000). Le premier, possédant trois génomes AA, BB et DD constitué chacun de sept paires de chromosomes homologues, soit au total 42 chromosomes (Benderadji, 2013). Il est acquis que le génome A provient de *Triticum monococcum*, le génome B d'un *Aegilops* (*bicornis*, *speltoides*, *longissima* ou *searsii*) et le génome D d'*Aegilops squarrosa*. Quant au blé dur, il ne comporte que les deux génomes AA et BB, soit 28 chromosomes. Le croisement naturel entre *T. monococcum* et *Aegilops* (porteur du génome B) a permis l'apparition d'un blé dur sauvage de type AABB (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) qui a ensuite progressivement évolué vers *T. turgidum* ssp. *dicoccum* puis vers *T. durum* (blé dur cultivé) (Figure 1) (Benderadji, 2013).

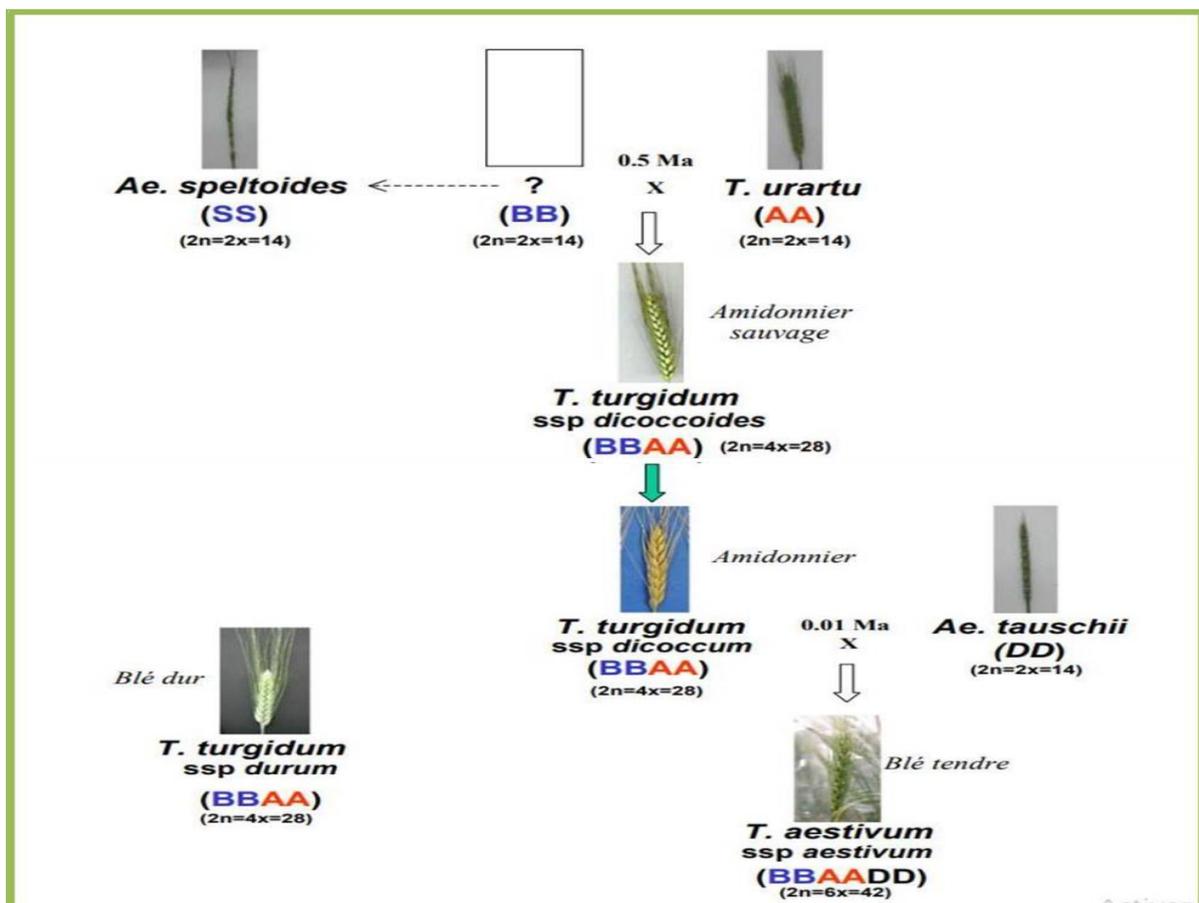


Figure 1: Événements de polyploïdisation ayant abouti à la formation des blés cultivés (Charles, 2010).

Chapitre I : Revue bibliographique

1.4. Classification botanique et description

Le blé est une plante annuelle de la classe des Monocotylédones, de l'ordre des Poales, de la famille des Graminées (Poacées), de la tribu des Triticées, appartenant au genre *Triticum* (Tableau 1), (Feillet, 2000 ; Bogard, 2011). Cette famille comprend 600 genres et plus de 5000 espèces (Feillet, 2000).

Tableau 1: Classification taxonomique du blé dur (Feillet, 2000).

Règne	Plantae
Embranchement	Spermaphytes
Sous embranchement	Angiospermes
Classe	Monocotylédones
Ordre	Poales
Famille	Poaceae
Tribu	Triticeae
Genre	<i>Triticum</i>
Espèce	<i>Triticum durum Desf.</i>

Les espèces du genre *Triticum* sont des herbacées annuelles à feuille alterne et à croissance définie, le cycle du blé comporte une période végétative marquée par la production des racines, des feuilles et des tiges. Puis d'une phase reproductrice marquée par la formation des épis, des fleurs suivie par le remplissage des grains (Bogard, 2011). Le grain de blé est un fruit sec, indéhiscant (qui ne s'ouvre pas à maturité) dont la paroi est adhérente au tégument de l'unique graine qu'il renferme et qui est appelé caryopse (Salmi et Merbah, 2015).

1.5. Importance et utilisation

Parmi les céréales, le blé occupe à l'échelle mondiale une place primordiale dans le système agricole. Il est considéré comme principale source de la nutrition humaine et animale (Slama et al., 2005). Cette céréale se place à la deuxième place pour la production mondiale

Chapitre I : Revue bibliographique

après le maïs et à la première place, avant le riz, comme source nutritionnelle pour les populations humaines en assurant 20% de leurs besoins énergétiques (Bentouati et Safsaf, 2019).

L'importance du blé réside dans le fait qu'il participe d'une façon importante et diversifiée au régime alimentaire humain et aux emplois que génère la filière céréalière (Mesrane, 2018). Le blé tendre est principalement utilisée en meunerie pour obtenir de la farine nécessaire à la production de pain, de viennoiseries ou de pâtisseries ; ou encore pour la fabrication des biscuits et de gâteaux traditionnels ou occidentaux (Debiton, 2010 ; Lopes et *al.*, 2012). Pour ce qui est du blé dur, il sert à la production de pâtes alimentaires, de couscous et à bien d'autres mets comme le pain et divers gâteaux (Troccoli et *al.*, 2000 ; Debiton, 2010).

Des nouvelles utilisations à l'échelle industrielle sont apparues depuis quelques années telles que la fabrication de bioplastiques à base de gluten ou d'amidon. Les principaux débouchés sont les sacs plastiques, les plastiques agricoles, les emballages et certains produits d'hygiène. Ces bioplastiques ont l'avantage par rapport à leurs homologues d'origine fossile d'être biodégradables et donc renouvelables (Debiton, 2010).

D'ici 2050, une augmentation de 60 % de la production mondiale de blé sera nécessaire pour répondre à la demande d'une population croissante. Les actions prioritaires à engager pour relever ce défi ont été présentées par 'le blé Initiative'. Les gouvernements mettent en place un ensemble de politiques, de plans, de mesures et de précautions pour veiller au bon maintien et au développement de ce secteur agricole (Louali, 2016).

2. Le stress salin chez les plantes

2.1. Notion de stress

Selon Levitt (1980), le terme stress désigne l'effet néfaste d'un facteur de l'environnement sur un organisme vivant. D'après Hopkins (2003), il s'agit de toute force ou condition hostile qui tend à empêcher le fonctionnement normal de la plante (croissance, développement et productivité). Cette notion regroupe à la fois les stress abiotiques (qui sont dus à des facteurs environnementaux) et les stress biotiques (dus à une agression par autre organisme vivant) (Roeder, 2006).

2.2. Stress salin

La salinité des sols et de l'eau, est l'un des principaux facteurs abiotiques qui limitent la productivité végétale et le rendement agricole (Baatour et *al.*, 2004). Dans les écosystèmes arides et semi arides, elle résulte des fortes évaporations d'eau à partir du sol ainsi que d'une pluviométrie irrégulière et insuffisante (Munns et *al.*, 2006).

Ce terme s'applique essentiellement à un excès d'ions, mais pas exclusivement, aux ions Na^+ et Cl^- (Hopkins, 2003). Une augmentation brusque de la concentration en sels conduit d'une part, à un afflux plus élevé d'ions dans la cellule suite à la chute de la concentration du milieu externe. Et d'autre part, à une perte d'eau par voie osmotique (Lemekeddem et Debbache, 2013).

Le stress salin, comme beaucoup d'autres stress abiotiques, affecte aussi bien la germination que la croissance des plantes et leur développement (Sebane, 2015). Les conséquences qui en résultent peuvent être attribuées à trois processus majeurs qui sont : l'effet du déficit hydrique résultant de la réduction du potentiel hydrique de la solution du sol, la toxicité des ions (absorbés en excès, tels que le sodium et le chlore) et le déséquilibre ionique qui résulte de l'accumulation des ions toxiques (Na^+ et Cl^-) ce qui entraîne une diminution de l'absorption d'autres ions (K^+ , Ca^{2+} , NO_3^-) nécessaires à l'activité enzymatique de la plante (Greenway et Munns, 1980).

2.3. Stress salin et germination

2.3.1. Définition du processus de la germination

La germination est une étape importante et vulnérable dans le cycle de vie des plantes ; elle détermine l'établissement du semi et la croissance de ces dernières (Arbaoui, 2016). Il s'agit d'un stade physiologique qui correspond au passage de la phase de vie latente de la graine à la phase de développement de la plantule (Baskin et Baskin, 1998).

Bewley et Black (1994), la définissent comme étant la somme des événements qui commencent avec l'imbibition et se termine par l'émergence d'une partie de l'embryon, généralement la racine, à travers les tissus qui l'entourent.

2.3.2. Phases et mécanismes physiologique de la germination

La germination comprend trois phases successives (Figure2) :

- Phase d'imbibition

Le processus commence par l'entrée passive et massive de l'eau dans la graine sèche, ou imbibition (Dadach, 2016). Cette entrée d'eau, servant à hydrater les tissus, est accompagnée d'une augmentation de la consommation d'oxygène attribuée à l'activation des enzymes mitochondriales (Chaussat, 1999).

- Phase de germination *stricto sensu*

Des différents mécanismes physiologiques qui entrent en jeu dans le processus de germination, c'est la phase de germination *stricto sensu* qui est la plus importante car elle conditionne la croissance ultérieure. L'hydratation des tissus est totale ; l'activité respiratoire est ralentie. C'est à ce stade que se préparent les événements métaboliques associés à l'allongement de la radicule qui émerge des téguments. Cette émergence, rendue possible grâce à l'élongation des cellules, coïncide avec la fin de la deuxième étape et la perte de la tolérance à la dessiccation (Benyahia, 2017).

- Phase de croissance

Distinguée par une reprise de l'absorption de l'eau et une élévation de la consommation d'oxygène (Anzala, 2006). Certains auteurs ne considèrent pas cette phase comme faisant partie de la germination au sens strict (Hopinks, 2003). La semence peut être déshydratée sans être tuée jusqu'à la fin de la phase de germination *stricto sensu* ; mais dès lors que la radicule a commencé sa croissance, la déshydratation est fatale. Le premier organe à émerger de la graine est donc la radicule. S'ensuit l'émergence de l'épicotyle et des cotylédons, qui constituent la partie aérienne de la plantule (Nivot, 2005).

Chapitre I : Revue bibliographique

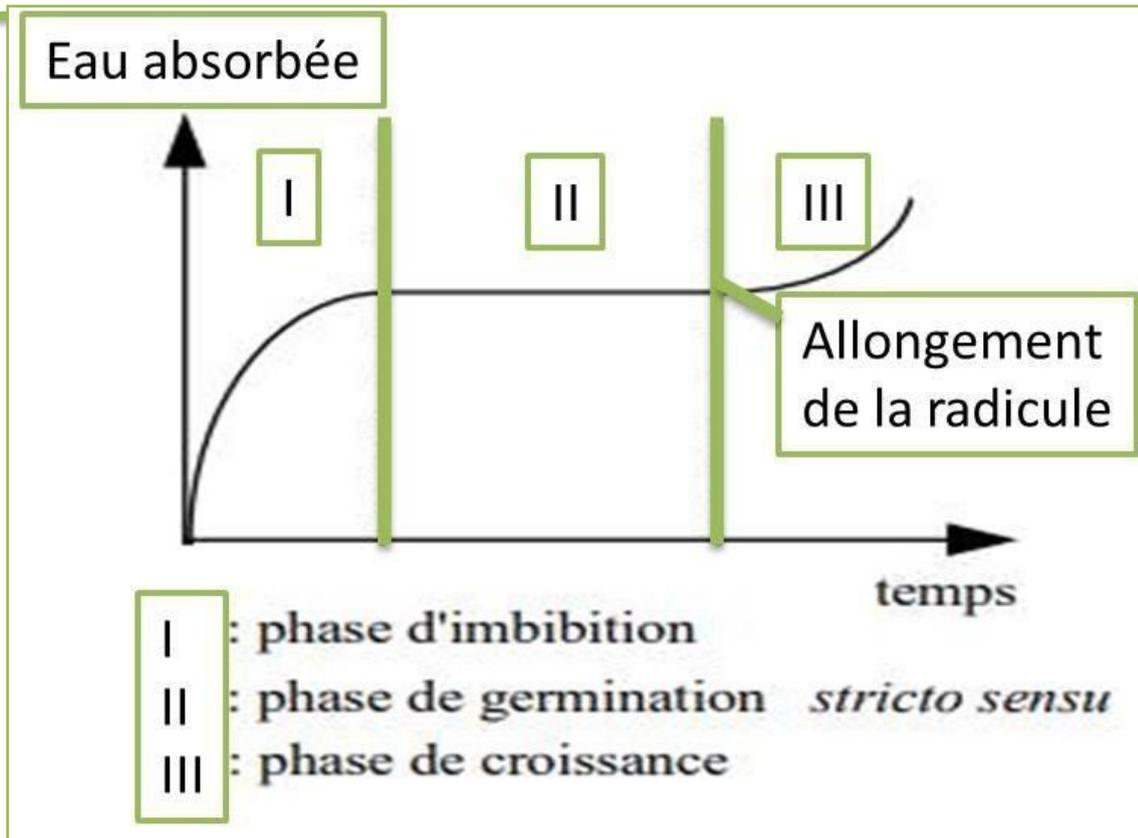


Figure 2: Courbe théorique d'imbibition d'une semence (Côme, 1982).

2.3.3. Les facteurs de la germination

L'ensemble des facteurs qui interviennent au moment de la germination mais aussi tout au long de la vie d'une graine, exerce une influence sur son comportement lorsqu'elle est mise à germer. Au sujet des céréales, Chaussat et Bouinot (1984), parlent de la prédétermination physiologique des semences. Ainsi, la qualité germinative d'une graine est fonction de son génome mais aussi de l'intervention de plusieurs autres facteurs. Les plus couramment étudiés sont la température, l'oxygène et la lumière. En fait, c'est l'action combinée de ces différents facteurs qui rend possible ou non la germination. De ce fait, la présence d'eau est obligatoire, mais pas suffisante car il faut aussi que la température soit convenable et que l'embryon soit correctement oxygéné (Côme, 1982).

2.3.4. Effet du stress salin sur la germination

Ce processus est régulé aussi bien par les caractéristiques génotypiques que par les conditions environnementales (Ndour et Danthu, 1996 ; Maillard, 2001). Le stade germinatif

se montre souvent plus sensible par rapport aux autres stades de développements (Ouhaddach et *al.*, 2016).

Plusieurs auteurs s'accordent à dire que la présence de NaCl entraîne l'augmentation de la durée des phases de germination et retarde par conséquent la levée (Ndour et Danthu, 1996 ; Benata et *al.*, 2006 ; Siddikee et *al.*, 2015 ; Benidire et *al.*, 2015). Qu'il soit présent dans le sol ou dans l'eau d'irrigation, le chlorure de sodium altère la germination des glycophytes (dont le blé) de deux manières : en diminuant la vitesse de germination et en réduisant le pouvoir germinatif. Néanmoins cette action varie en fonction de la nature de l'espèce (dur ou tendre), de l'intensité du stress salin et de sa durée d'application (Bentouati et Safsaf, 2019).

Il a été démontré que la salinité inhibe la germination par un effet osmotique suite à la baisse du potentiel hydrique autour des graines (Rejili et *al.*, 2006 ; Abdelkader et *al.*, 2015 ; Karoune, 2016). Ou bien par des effets toxiques qui sont liés à une accumulation de sels provoquant la perturbation des enzymes (telles que les polyphénoloxydase, les amylases et les peroxydases) impliquées dans les mécanismes physiologiques germinatifs. Ces perturbations empêchent la levée de dormance des embryons et conduisent à une diminution de la capacité germinative (Hajlaoui et *al.*, 2007).

3. Mécanismes de tolérance au stress salin

La tolérance à la salinité représente la capacité de la plante à maintenir sa croissance sous conditions salines. Il ne s'agit pas d'un mécanisme qui est présent ou absent, c'est plus tôt un phénomène qui prend différents degrés d'expression, variables selon les génotypes et les conditions de croissance. La conséquence est une large variabilité de réponses chez les plantes soumises au stress salin (Benderradji, 2013).

Ainsi, la régulation de l'expression génique chez les plantes suite à un stress implique l'activation de plusieurs gènes intervenant dans les mécanismes de tolérance (Figure 3). On peut classer ces gènes en deux catégories :

- Les gènes effecteurs qui sont responsables des processus nécessaires à l'adaptation au stress salin comme les gènes codant pour les enzymes participant à la biosynthèse des

Chapitre I : Revue bibliographique

osmoprotecteurs, les enzymes de détoxification, les protéines LEA (Late Embryogenesis Abundant protein) et les transporteurs d'ions (Shi et Zhu., 2002).

- Les gènes régulateurs qui contrôlent l'expression et l'activité de ces effecteurs. Ces gènes codent pour des molécules régulatrices telles que, les protéines kinases, les phosphatases, les enzymes qui participent au métabolisme des phosphoinositides et les facteurs de transcription (Zhu., 2002).

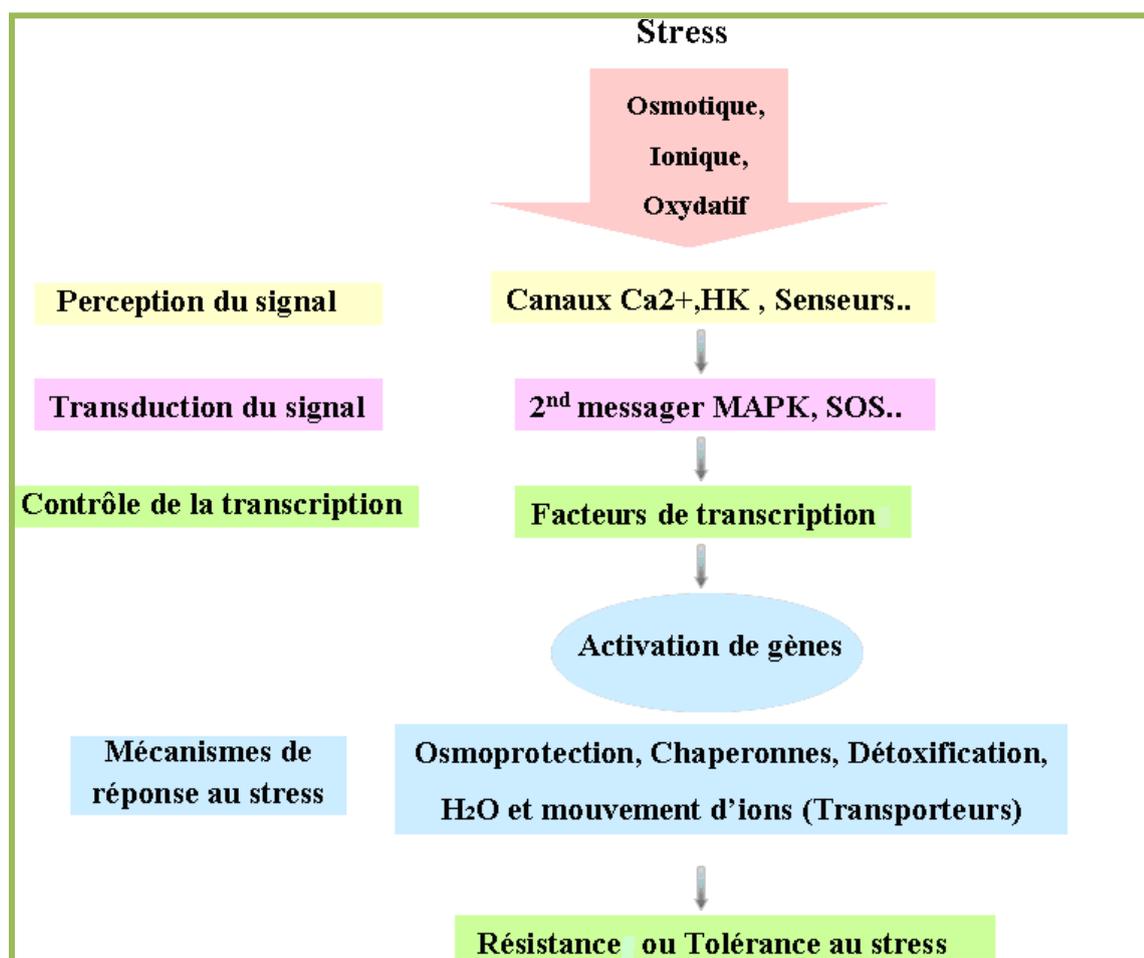


Figure 3: Représentation générale de la réponse au stress chez les plantes (Wang et *al.*, 2003).

3.1. Homéostasie ionique

L'homéostasie est un processus d'autorégulation qui peut être de nature ionique ou osmotique (Zhu, 2002). Le maintien de l'homéostasie ionique est critique pour les plantes

Chapitre I : Revue bibliographique

confrontées à de fortes salinités. Ceci implique l'accumulation d'ions inorganiques (Na^+ , Cl^-), leur compartimentation et leur excrétion (Arif, 2018).

3.1.1. L'exclusion des sels

L'une des stratégies permettant aux plantes de survivre en condition de stress salin consiste à exclure le sodium du cytoplasme vers l'extérieur de la cellule. Dans ce cas, les plantes limitent l'entrée des éléments salins et les rejettent dans le compartiment apoplasmique (Hanana et al., 2011).

Il existe une corrélation positive entre l'exclusion des sels et la tolérance à la salinité chez plusieurs espèces dont le blé (Munns et al., 2006).

L'exclusion du sodium est réalisée par l'action combinée d'une série de protéines de type SOS (Salt Overly Sensitive) (Zhu, 2003). Des études ont montré que l'excès de Na^+ et l'osmolarité élevée sont détectés séparément par des capteurs situés au niveau de la membrane plasmique, ce qui induit une augmentation du Ca^{2+} cytosolique, la protéine SOS1 qui est un antiport Na^+/H^+ , joue un rôle primordial dans ce mécanisme d'exclusion du sodium. Les protéines SOS2 et SOS3 assurent conjointement la régulation de l'activité de la SOS1 mais également celle de l'antiport vacuolaire NHX1. D'autre part et afin de réduire l'accumulation de sodium au niveau de la partie aérienne de la plante, ce complexe protéique SOS interagit avec le transporteur HKT1 lui aussi situé sur la membrane plasmique et qui est responsable de la recirculation du sodium des feuilles vers les racines via le phloème (Figure 4) (Hanana et al., 2011).

Le stress salin peut également induire l'accumulation de l'ABA, qui, au moyen de l'ABI1 et de l'ABI2, peut réguler négativement la SOS2 et l'antiport NHX1 (Silva et Gerós, 2009).

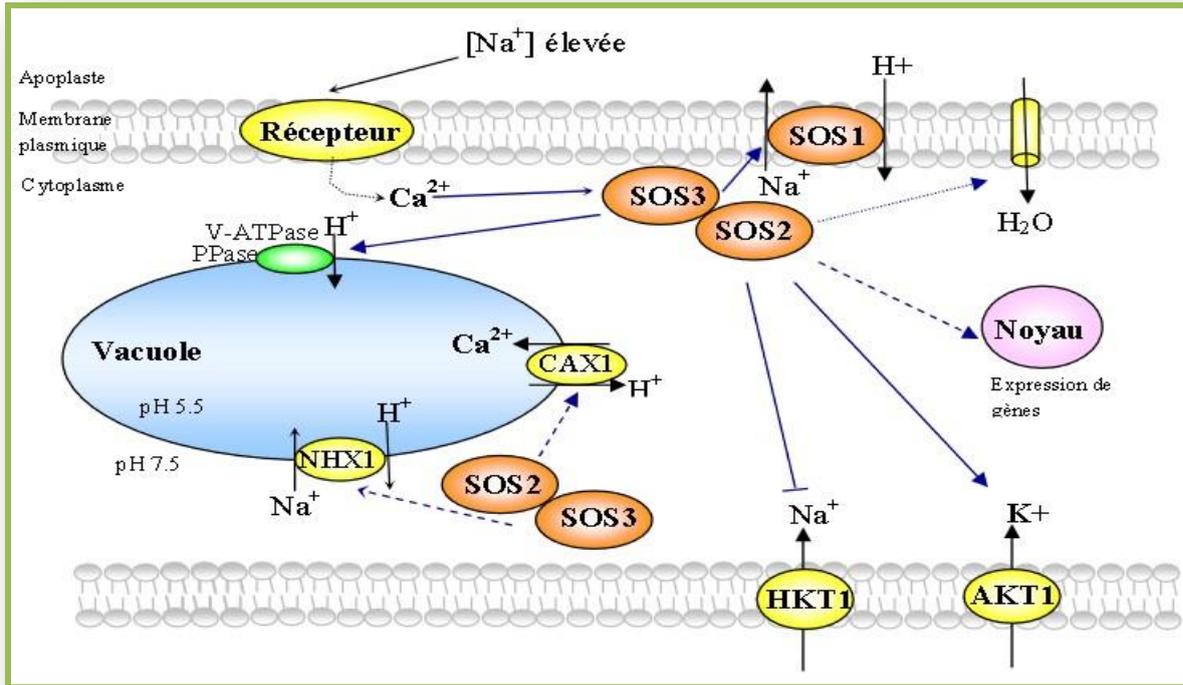


Figure 4 : Voies de signalisation responsable de l'exclusion du Na^+ sous stress salin (Manchanda et Garg, 2008).

3.1.2. La compartimentation vacuolaire ou l'inclusion

La compartimentation vacuolaire ou autrement dit l'inclusion est la stratégie la plus efficace pour éviter la toxicité du Na^+ et son action inhibitrice à l'encontre des processus enzymatiques (Nasri, 2014). Selon Hanana et *al.*, (2011), celle-ci consiste à évacuer les ions Na^+ en excès du cytoplasme vers la vacuole. De plus, l'augmentation concomitante de la concentration de sodium dans la vacuole va engendrer une forte pression osmotique qui va favoriser l'absorption d'eau et donc améliorer la turgescence des cellules.

Ce mécanisme de compartimentation vacuolaire est assuré par l'action d'un antiporteur vacuolaire sodium/proton (Na^+/H^+) dont l'énergie est fournie par les pompes à protons ATPases (H^+ adénosine triphosphatases) et PPases (H^+ pyrophosphatases) vacuolaire (Figure 5) (Zhu, 2003; Hanana et *al.*, 2011).

La force protomotrice, indispensable au flux d'ions à travers la membrane, est générée par des pompes à protons. A la pénétration des ions Na^+ dans le cytosol, les pompes à protons ATP dépendantes situées sur la membrane plasmique vont rétablir l'homéostasie

Chapitre I : Revue bibliographique

ionique, en abaissant les concentrations de Na^+ cytosoliques. Ces ions sont soit évacués hors du cytoplasme vers les tissus conducteurs par l'intermédiaire d'antiport Na^+/H^+ (NHA1), soit stockés dans la vacuole par l'intermédiaire de l'antiport Na^+/H^+ (NHX1 ou AtNHX1) (Zhu, 2001).

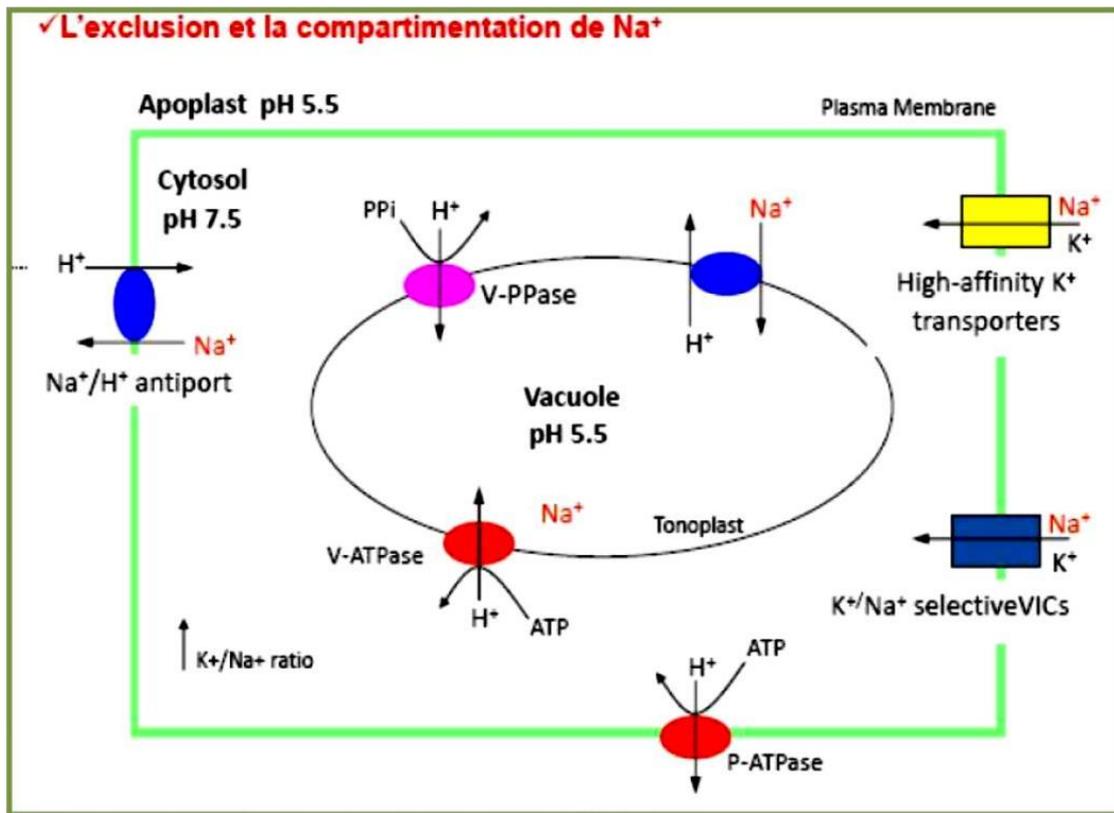


Figure 5 : L'exclusion et la compartimentation vacuolaire du Na^+ (Zhu, 2003).

3.1.3. La sélectivité

La sélectivité ionique représente la capacité de la plante à réguler l'accumulation du Na^+ au profit du K^+ , phénomène de discrimination entre les ions Na^+ et K^+ (Gorham, 1993). En effet, des niveaux élevés de l'ion K^+ dans de jeunes plantules sont associés à la tolérance au stress salin chez plusieurs espèces (Bhandal et Malik, 1988).

Le Ca^{2+} réduit l'absorption du Na^+ dans le milieu et par voie de conséquence favorise la sélectivité K^+/Na^+ au niveau du plasmalemme. Ainsi, plus la sélectivité du canal pour les ions

Chapitre I : Revue bibliographique

K^+ sera importante, moins le Na^+ franchira la membrane. Le degré de sélectivité K^+/Na^+ des systèmes responsables de l'absorption du K^+ , en défavorisant l'entrée du sodium peut être alors un des mécanismes impliqués dans l'adaptation des végétaux à la salinité du milieu (Chadli, 2007).

3.2. Homéostasie osmotique

Face à l'augmentation des forces de rétention de l'eau dans un sol en cours de dessiccation, un ajustement osmotique peut se manifester, mais à des degrés variables, chez la plupart des végétaux. Les métabolites impliqués dans cet ajustement sont assez variés. Ces solutés ont des propriétés physiques et biologiques compatibles, même à forte concentration, avec les fonctions métaboliques (Tahri *et al.*, 1998).

L'accumulation de ces composés a été mise en évidence chez plusieurs espèces végétales soumises à la contrainte saline. Cette accumulation varie dans de larges proportions suivant l'espèce, le stade de développement et l'intensité de la salinité. Les niveaux d'accumulation des solutés entre les plantes témoins et les plantes soumises au stress salin sont très importants (El Midaoui *et al.*, 2007). Ces osmolytes peuvent être aussi bien d'origine organique telle que les sucres, les acides organiques et les acides aminés (comme la proline et la glycine bêtaïne), que d'origine inorganique comme les ions, en particulier les ions de potassium (Aissani, 2019).

Au cours de l'ajustement osmotique, la cellule compartimente les ions toxiques tels que les Na^+ et Cl^- dans la vacuole et en même temps synthétise et accumule les solutés organiques dans le cytoplasme pour maintenir l'équilibre de la pression osmotique (Hasegawa *et al.*, 2000).

4. Salinité et expression génique

Les mécanismes de tolérance qui régissent le fonctionnement cellulaire et qui sont mis en place par la plante lors d'un stress sont basés sur : (1) la perception, (2) la transmission et (3) le traitement du signal.

Chapitre I : Revue bibliographique

4.1. Perception du signal du stress salin

Les signaux de stress extracellulaire sont d'abord perçus grâce à des récepteurs membranaires (Sellami-Jallouli, 2019). Parmi ces récepteurs on retrouve notamment :

- Les protéines HK (pour Histidine Kinase) qui fonctionnent chez *Arabidopsis* (cas de la protéine AtHK1) comme un capteur osmosensible transmettant le signal de stress à une cascade MAPK kinases (Urao *et al.*, 1999).
- Les protéines GPCR (pour G-Protein Coupled Receptor), perçoivent également les signaux extracellulaires, ce qui va activer une voie de signalisation faisant intervenir des protéines G hétérotrimériques (d'où le nom). Cette protéine joue ainsi un rôle important dans différentes voies de signalisation en réponse au stress (Tuteja, 2009).
- Les récepteurs RLKs (pour Receptor-Like Kinases) constituent une large famille de protéines transmembranaires. Chez la pomme de terre, La StLRPK1 (Leucine-rich Repeat Receptor-like Kinase) est induite dans des feuilles par une contrainte saline (Mouhaya, 2008).

4.2. Transduction du signal et cascades de signalisation

Suite à la perception du stress via des récepteurs plus ou moins spécifiques, le signal est transmis à l'intérieur des cellules. La transduction du signal est assurée par des seconds messagers (qui assurent le fonctionnement des voies de signalisation) et des facteurs de transcription qui contrôlent l'expression des gènes impliqués dans la réponse au stress. Le calcium joue un rôle en tant que molécule messenger secondaire dans la plante sous diverses conditions de stress, y compris la salinité (Osmane, 2009).

L'augmentation transitoire de la concentration cytosolique en Ca^{2+} est perçue par les différentes cascades de phosphorylations faisant intervenir: les CDPK (pour Ca^{2+} Dependent Protein kinases), les MAPK (pour Mitogen Activated Protein Kinase), les protéines SOS (pour Salt Overly Sensitive) ou encore les phospholipases (Ngyen, 2012).

Ces protéines kinases vont induire l'expression des facteurs de transcriptions tels que : les EREBP (pour Ethylene-Responsive Element Binding Proteins) (Riechmann et Meyerowitz, 1998), les ERF (pour Ethylene Responsive Factor) (Sakuma *et al.*, 2002), les bZIP (pour basic leucine zipper) (Jakoby *et al.*, 2002) et les MYB (Abe *et al.*, 1997). Ce sont les éléments clés

Chapitre I : Revue bibliographique

qui contrôlent et modulent les voies d'adaptation aux stress abiotiques chez les plantes (Golldack *et al.*, 2011).

4.3. Les facteurs de transcription

Les facteurs de transcription sont des protéines *trans*-régulatrices intervenant dans la régulation de l'expression des gènes en réponse à différents signaux (stress biotiques et abiotiques, hormones,...). Ces protéines se lient à l'ADN au niveau des promoteurs des gènes pour en activer ou en réprimer la transcription. Elles comportent des motifs de liaison à l'ADN (de type hélice-boucle-hélice, fermeture à leucine, doigt de zinc,...), leur permettant de reconnaître et de se lier spécifiquement à des éléments *cis*-régulateurs, situés au niveau de la région promotrice des gènes cibles (Chebbi, 2015).

Selon Shinozaki et Yamaguchi-Shinozaki (2007), les facteurs de transcription peuvent être divisés en deux catégories : ceux impliqués dans la voie dépendante de l'ABA (tels que les: MYB, MYC, bZIP) et ceux impliqués dans la voie indépendante de l'ABA (tel que les: AP2/ERF) (Mouhaya, 2008).

4.1.1. Les facteurs de transcription MYB

Le premier gène MYB à avoir été caractérisé correspond au protooncogène cellulaire c-MYB (Myeloblastosis), il est impliqué dans le contrôle de la prolifération et/ou la différenciation des cellules hématopoïétiques (Klempnauer *et al.*, 1982 ; Frank, 2007).

Au sein du règne végétal, le premier membre de cette famille a été découvert chez le maïs ; il s'agit du MYBC1 ; qui est quant à lui impliqué dans la biosynthèse d'anthocyanines (Paz-Ares *et al.*, 1987).

Les MYB appartiennent à une large famille de facteurs de transcriptions (plus de 125 gènes chez *Arabidopsis* et plus de 100 chez le maïs) pouvant être impliqués dans : le développement des plantes, la différenciation de plusieurs types de tissus (Bedon, 2007 ; Lakhal, 2013), la régulation de la biosynthèse des composés phénoliques (Martin et Paz-Ares 1997, Jin et Martin 1999), la défense des plantes (Kranz *et al.*, 1998) ou en réponse à l'ABA (Urao *et al.*, 1993).

Chapitre I : Revue bibliographique

La caractéristique la plus emblématique de ces protéines c'est qu'elles contiennent un site de liaison à l'ADN appelé domaine MYB localisé dans leur extrémité N-terminale (Lakhal, 2013).

- **Caractéristiques et classification des MYB chez les plantes**

Les facteurs MYB sont classés en 3 sous-familles : MYB1R, MYB2R3 et MYB3R en fonction du nombre de répétitions, dans le domaine de liaison à l'ADN, (Romero *et al.*, 1998). Ce dit domaine est formé de trois répétitions imparfaites de 51 à 52 acides aminés, désignées par R1, R2 et R3 (Figure 6), contenant chacune trois résidus tryptophane (Trp) espacés de 18 à 19 acides aminés (Weston et Bishop, 1989). Les MYB à deux répétitions R2-R3 sont majoritaires chez les plantes (Jin et Martin 1999) et les résidus Trp y sont remplacés par un acide aminé hydrophobe (Rabinowicz *et al.*, 1999).

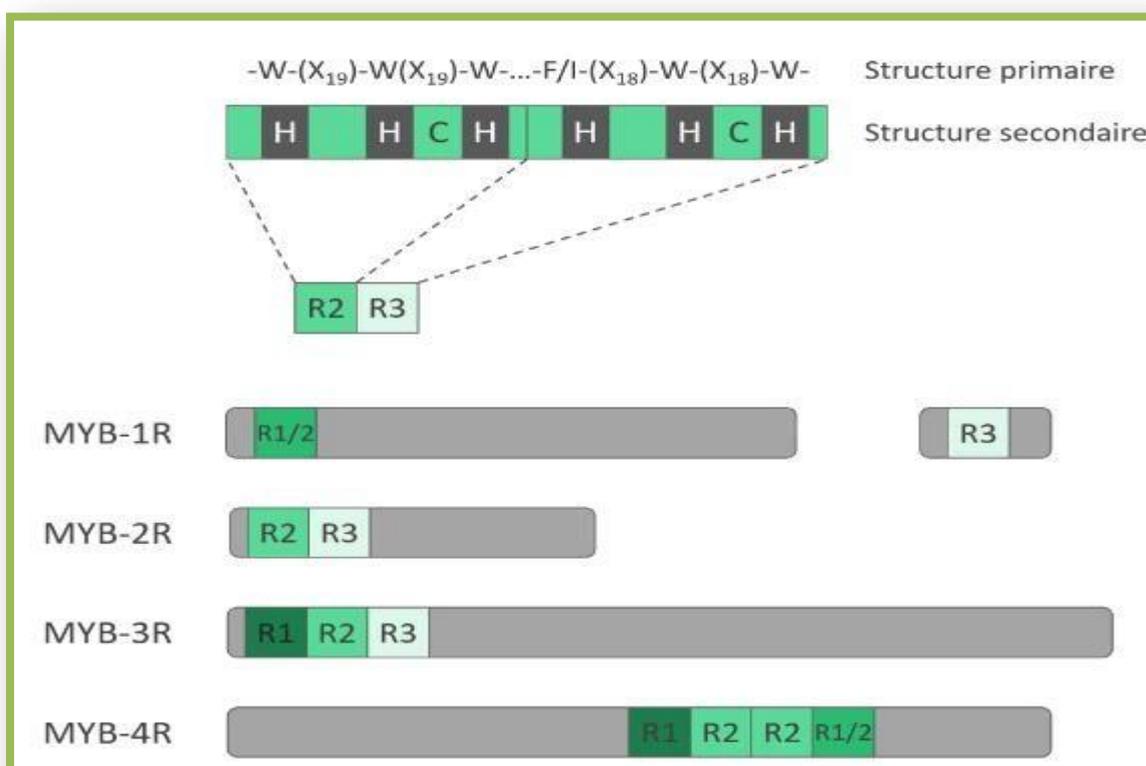


Figure 6: Classes de facteurs de transcription MYB chez les plantes (Dubos *et al.*, 2010).

Chapitre I : Revue bibliographique

Les facteurs MYB possèdent également d'autres domaines caractéristiques, domaine acide de transactivation (Weston et Bishop, 1989). Ce dernier possède une autre classification, basée sur des motifs conservés retrouvés dans l'extrémité C-terminale de la protéine. La plupart des MYB ont été décrit comme étant des régulateurs positifs de la transcription (Kranz *et al.*, 1998 ; Fortin, 2012).

- **Rôles des MYB chez les plantes**

Plusieurs auteurs ont suggéré l'implication des facteurs de transcription de type MYB dans plusieurs processus biologiques importants tels que : le contrôle de la morphogénèse et la différenciation cellulaire, la régulation du métabolisme primaire et secondaire, le contrôle du cycle cellulaire, le développement de la graine et la germination mais aussi dans le phénomène de transduction des signaux (Noda *et al.*, 1994 ; Higginson *et al.*, 2003 ; Jiang *et al.*, 2004 ; Dubos *et al.*, 2010 ; Katiyar *et al.*, 2012).

Chez l'orge notamment, le facteur de transcription HvMYBGa est activée par l'acide gibbéréllique et réduit l'expression de différents gènes durant la germination des graines (Gubler *et al.*, 1995).

Ces facteurs de transcription jouent également un rôle dans la réponse aux stress abiotiques chez les plantes (Li *et al.*, 2015) ; en particulier les protéines MYB de type R2R3. En effet, il a été rapporté que l'expression du gène OsMYBR3R2 est induite par le froid ainsi que par le stress hydrique et salin chez le riz. La surexpression de ce gène chez Arabidopsis a conféré aux plants transgéniques une tolérance à ces trois stress (Dai *et al.*, 2007). Toujours chez Arabidopsis, il a été rapporté que le facteur AtMYB102 est un élément clé dans les voies de signalisation dans les réponses au stress osmotique et à l'ABA (Stracke *et al.*, 2001). Une autre étude a révélé que le gène AtMYB41 contrôle la réponse au stress osmotique au niveau transcriptionnel à court terme. La surexpression du gène AtMYB44 peut réduire le taux de perte en eau et améliorer la tolérance à la salinité. (Yang *et al.*, 2012).

Chez le blé He *et al.*, (2012) ont constaté qu'en situation de stress salin les cultivars tolérants présentés une expression plus importante du gène TaMYBsdu1 comparativement aux cultivars sensibles.

5. Étude des mécanismes moléculaires de réponse au stress

Le stress se traduit par plusieurs changements moléculaires au niveau de la plante. Les approches employées en biotechnologies végétales permettent notamment la compréhension des mécanismes intervenants dans le phénomène de tolérance. L'identification des gènes induits en condition de stress, constitue une approche très prometteuse en amélioration des plantes (Benderradji, 2013).

L'étude moléculaire des gènes de réponse au stress consiste à induire un stress sur une plante entière, puis à suivre les modifications induites par ce stress au niveau des protéines ou des ARN messagers (Poormohammad Kiani, 2007). La biologie moléculaire propose des outils extrêmement puissants pour étudier l'expression des gènes et des protéines. La génomique fonctionnelle, qui s'intéresse à l'ensemble des transcrits (transcriptome) et des protéines (protéome) propose des stratégies très performantes pour permettre une analyse pratiquement exhaustive de l'expression de l'ensemble des gènes et des protéines. Les informations obtenues permettent de déterminer l'ordre et les conditions d'expression des gènes mais aussi de prédire leur fonction (Dubos, 2001). On peut faire appel à des techniques qui permettent de faire des analyses à grande échelle ou des technologies (dites "gène à gène") permettant d'étudier et d'analyser les protéines, les transcrits et/ou les gènes au cas par cas (Lopez-Maestre, 2017).

Il est possible d'utiliser les gènes identifiés pour transformer des plantes et étudier ainsi le rôle du gène dans la plante transgénique obtenue (Poormohammad Kiani, 2007). De nos jours de nombreux travaux ont été publiés mettant en avant des plantes transgéniques surexprimant notamment des facteurs de transcription. Un exemple qui témoigne du rôle de la transgénèse dans l'obtention de plantes plus adaptées aux stress salin et au froid s'observe chez des lignées de riz transgénique surexprimant le gène DREB2A d'*Arabidopsis* puisqu'elles acquièrent une meilleure tolérance (Shinozaki et Yamaguchi-Shinozaki, 2007). D'autres études abordant la surexpression de gènes MYB ont également été précédemment mentionnées.

Chapitre II: Matériel et méthodes

Chapitre II: Matériel et méthodes

1. Matériel végétal

Cette étude a été menée sur deux variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.): Beliouni et Waha. Les variétés utilisées ont été obtenues auprès de l'Institut Technique des Grandes Cultures (ITGC) de Constantine (station El Khroub). Les génotypes utilisés sont répertoriés selon le catalogue officiel de l'ITGC (Tableau 2).

Tableau 2: Pédigrées, origines et acronymes des génotypes étudiés et leurs caractéristiques (Attab et Brinis, 2012 ; Belkharchouche et *al.*, 2015).

Génotype	Acronyme	Origine	Pédigrée	Caractéristiques
Waha	W	CIMMYT-ICARDA	Plc/Ruff//Gta/3/Rol etteCM17904	Sélection CIMMYT-ICARDA Elkhroub. Paille courte et demi-pleine, précoce, mieux adaptée aux régions arides et semi- arides, bonne productivité, tolérante au froid, moyennement tolérante à la sécheresse.
Beliouni	BEL	Algérie	Variété locale ancienne	Sélectionné en Algérie à partir de la variété botanique <i>Triticum durum</i> Desf. Var. <i>erythromelan</i> Körn. Cette variété semble être la plus appréciée au point de vue de la rusticité (bonne adaptation et tolérance à la sécheresse) et des rendements stables.

2. Mise en place de l'essai

Les expérimentations ont été conduites au laboratoire de Génétique Biochimie et de Biotechnologie Végétale (GBBV) (équipe IV : Physiologie Moléculaire et Biodiversité des Plantes) à Chaabat EL Rasses, Université Frères Mentouri Constantine1.

Notre étude fut scindée en deux parties : la première consiste à analyser l'effet d'une crainte saline au stade germination. Le stress salin a été appliqué en ayant recours à cinq traitements de NaCl dont les concentrations vont de 0 à 12g/l. La deuxième partie consiste en une étude *in silico* de gènes codant pour des facteurs de transcription appartenant à la famille des MYB.

Pour chaque génotype, 300 graines ont été utilisées. Ces dernières ont été stérilisées à l'aide d'une solution d'eau de javel (hypochlorite de sodium à 5%) pendant 15 minutes puis rincées cinq fois à l'eau distillée pour éliminer toute trace de chlore.

Les graines ont été mis à germer dans des boîtes de pétri tapissées de deux couches de papier filtre, à raison de 20 graines par boîte avec trois répétitions par traitements et par génotypes (Beliouni et Waha) (Figure7). Les cinq traitements utilisés sont les suivantes : 0, 3, 6, 9 et 12g/l de NaCl (Djerah et Oudjehih, 2016 ; Os et *al.*, 2019). Les boîtes témoin ont été imbibées avec de l'eau distillée tandis que les autres ont été imbibées avec des solutions salines de différentes concentrations (en fonction du traitement). 5 ml de chaque solution ont été ajoutés à chaque boîte de Pétri, chaque 48 h pour une durée de huit jours. Dans le cas du contrôle, ce fut de l'eau distillée (Khayatnezhad et Gholamin, 2011).

Les boîtes sont mises à l'obscurité à une température de $23^{\circ}\text{C}\pm 2^{\circ}\text{C}$. La germination est repérée par la sortie de la radicule hors des téguments de la graine dont la longueur est d'au moins de 2 mm (Alaoui et *al.*, 2013).



Figure 7 : Dispositif utilisé pour la germination.

3. Paramètres étudiés

3.1. Taux de germination finale (G, %)

Ce paramètre constitue le meilleur moyen d'identification de la concentration saline qui présente la limite physiologique de la germination des graines (Benderradji et *al.*, 2016).

Le taux de germination finale est exprimé en pourcentage par le rapport entre le nombre de graines germées sur le nombre total de graines incubées (Côme, 1970).

$$G(\%)= 100(NGG/NTG)$$

Où :

- G (%) représente le pourcentage de germination ;
- NGG représente le nombre des graines germées ;
- NTG représente le nombre total des graines incubées.

3.2. Cinétique de germination (CG, %)

Il s'agit de calculer chaque jour la vitesse de germination en présence des différentes concentrations de sel. Elle est exprimée par le nombre de graines germées à 24, 48, 72, 96, 120, 144 et 168 h après le début de l'expérience. C'est un paramètre qui permet de mieux appréhender la signification écologique du comportement germinatif des variétés étudiées ainsi que l'ensemble des événements qui commencent avec l'étape d'absorption de l'eau par la graine et qui se terminent par l'élongation de l'axe embryonnaire et l'émergence de la radicule (Hajlaoui et *al.*, 2007 ; Benidire et *al.*, 2015).

3.3. Germination moyenne journalière (MDG, %)

Selon Osborne et Mercer (1993), la germination moyenne journalière (MDG) constitue le pourcentage de germination final sur le nombre de jours à la germination finale d'après la formule suivante:

$$\text{MDG (\%)} = \text{Pourcentage de germination finale} / \text{nombre de jours à la germination finale}$$

3.4. Vitesse de germination (VG)

Elle représente l'énergie de germination responsable de l'épuisement des réserves de la graine. La vitesse de germination a été calculée suivant l'équation de Maguire (1962) (Khayatnezhad et Gholamin, 2011) :

$$\text{VG} = n_1/t_1 + n_2/t_2 + \dots + n_7/t_7.$$

Où :

- n_1, n_2, \dots, n_7 constitue le nombre de graines germées au temps t_1, t_2, \dots, t_7 (en jours).

3.5. Index de la germination (GI)

Selon Scott et *al.*, (1984) l'index de la germination a été calculé en se basant sur la formule suivante :

$$GI = nd2 (1.00) + nd4 (0.75) + nd6 (0.5) + nd8 (0.25)$$

Où :

- nd2, nd4, nd6 et nd8 correspond au nombre de graines germées au 2^{ème}, 4^{ème}, 6^{ème} et 8^{ème} jour.

3.6. Index de la tolérance au stress de la germination (GSI, %)

L'indice de tolérance au stress de la germination (GSI) est calculé à l'aide de l'indice de germination (GI) (Abdi et *al.*, 2016). Il est estimé selon la formule suivante :

$$G.S.I. (\%) = [GI \text{ des grains stressées} / GI \text{ des graines contrôles}] \times 100$$

3.7. Longueur racinaire (LR, cm)

La longueur des racines est déterminée comme étant la longueur de la racine la plus longue. Elle a été mesurées à l'aide d'une règle graduée après 12 jours, et ceux pour évaluer la croissance de la plante vis-à-vis du stress (Alaoui et *al.*, 2013 ; Djerah et Oudjehih, 2016 ; Benderradji et *al.*, 2016).

3.8. Nombre des racines (NBR)

Le nombre de racines émises a été compté. On considère la moyenne de trois racines pour chaque plantule (Mefti et *al.*, 2008 ; Sassi et *al.*, 2012).

3.9. Longueur du coléoptile (LC, cm)

La longueur des coléoptiles est mesurée à partir de la graine jusqu'à la sortie de la première vraie feuille (Simmons et *al.*, 1995). La longueur du coléoptile a été mesurée à l'aide d'une règle graduée, et ce pour évaluer la croissance de la plante vis-à-vis du stress (Alaoui et *al.*, 2013) .

3.01. Longueur des feuilles (LF, cm)

La longueur des feuilles a été mesurée à l'aide d'une règle graduée après 12 jours. Les mesures mettent en exergue l'effet du stress sur la longueur des feuilles comparativement au témoin (Djerah et Oudjehih, 2016 ; Boumdouha et Krim, 2019).

3.11. Réversibilité de l'action du sel

Ce paramètre a l'avantage de déterminer l'origine de l'effet dépressif du sel, s'il est de nature osmotique et/ou toxique. Ainsi, les graines sont mises à germer en présence de 12 g/l de NaCl pendant 4 jours. Au quatrième jour, les graines non germées sont rincées trois fois pour éliminer le sel non absorbé, puis transférées dans d'autres boîtes de pétri contenant de l'eau distillée pendant quatre jours supplémentaires (Hajlaoui et *al.*, 2007 ; Benidire et *al.*, 2015).

3.12. Analyse et traitements des données

Dans le but de mieux décrire les différentes variables précédemment mentionnées, la moyenne a été calculée, ainsi que l'écart type qui mesure la dispersion des données autour de la moyenne. Ces deux paramètres ont été calculés à l'aide du logiciel d'analyse statistique XLSTAT-Excel 2010.

Chapitre II: Matériel et méthodes

Afin de tester les différences entre les traitements, les génotypes et leur interaction, une analyse de variance a été réalisée en utilisant le logiciel d'analyse statistique XLSTAT-Excel 2010.

4. Recherche de gènes codant pour les facteurs de transcriptions MYB dans NCBI (approche *in silico*)

4.1. Recherche sur NCBI

La recherche de gènes a été effectuée sur le site du NCBI, une fois connecté sur le site en question, on sélectionne les ressources qu'on souhaite interroger 'Gene' ou 'Protein' et on filtre les séquences par organisme 'Triticum' dans notre cas. Par la suite il faut choisir une séquence génétique codant pour une protéine impliqué dans la réponse au stress salin, il s'agit des facteurs de transcription appartenant à la famille des MYB dans notre étude. Il est possible de faire apparaître la séquence d'intérêt et d'obtenir un certain nombre d'information la concernant.

Chapitre III: Résultats et discussion

Chapitre III: Résultats et discussion

1. Effet du stress salin sur la germination

1.1. Taux de germination final (G, %)

Bien qu'il ne reflète pas intégralement le comportement des plantes dans leurs conditions naturelles, le taux de germination, en conditions de stress salin, donne toujours une idée plus ou moins précise du comportement des variétés étudiées (Ben Naceur et *al.*, 2001).

Les valeurs obtenues indiquent que la capacité germinative des graines diminue à mesure que la concentration en chlorure de sodium augmente (Figure 8). Les deux variétés sont affectées et exhibent un taux de germination qui diffère de celui du témoin. L'émergence de l'axe de la tige n'a pas été observée chez toutes les graines ayant germé.

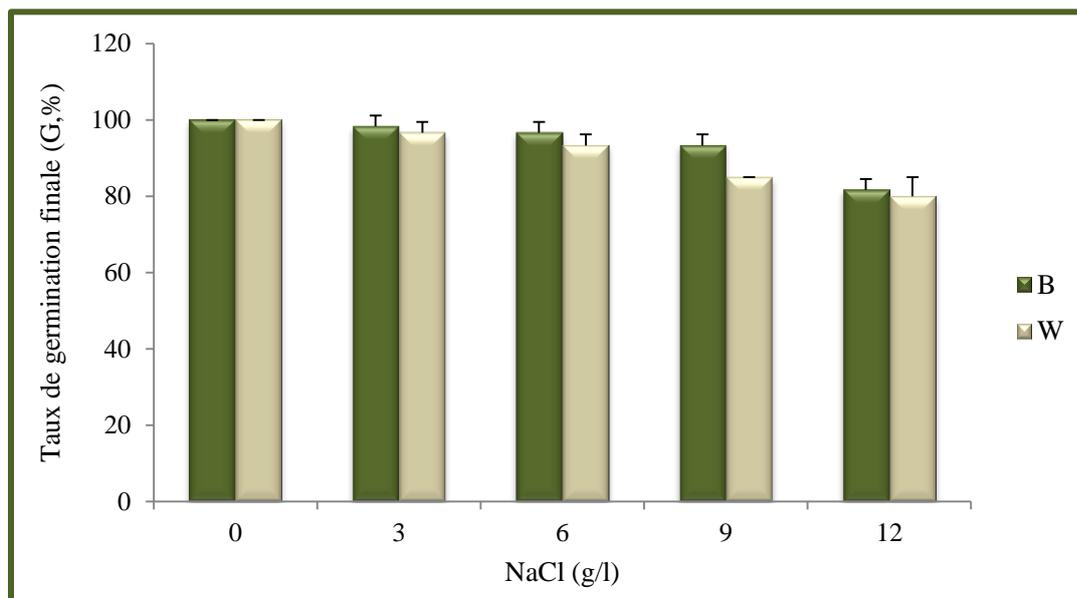


Figure 8 : Evolution de la capacité de germination sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9, 12 g/l) chez les deux variétés de blé dur étudiées.

Globalement, nous avons constaté, qu'en absence de stress l'ensemble des graines testées ont atteint un pourcentage final de germination égale à 100 % que ce soit chez la variété Beliouni que chez la variété Waha. Suite à l'application des traitements de 3 et de 6 g/l de NaCl, le taux de germination reste élevé avec des valeurs allant de 98.33 % à 96.66 %

Chapitre III: Résultats et discussion

respectivement pour la variété Beliouni ; et de 96.66 % à 93.33 % respectivement pour la variété Waha. En présence de 9 et de 12 g/l de NaCl, la capacité de germination diminue pour atteindre un taux de 93.33 % et de 81.66% respectivement chez Beliouni. Quant à la variété Waha on note une réduction plus marquée avec un taux de 85 % et de 80 % respectivement.

L'analyse de la variance à deux facteurs de ce paramètre fait ressortir un effet traitement très hautement significatif ($p < 0.001$) ainsi qu'un effet génotype hautement significatif ($p < 0.01$). L'effet interaction ne l'est pas (Tableau 3).

Nos résultats montrent un effet dépressif du sel sur le pouvoir germinatif des graines quelle que soit la variété et quelle que soit la concentration en chlorure de sodium utilisée. Ceci concorde avec des résultats rapportés par des études antérieures (Kadri et al., 2009 ; Alaoui et al., 2013 ; Benderradji et al., 2016).

La germination des graines en présence du NaCl varie d'un génotype à l'autre et selon les conditions de stress (Benderradji et al., 2016). D'après Prado et al., (2000), la diminution du taux de germination est due à un processus de dormance osmotique développé sous conditions limitantes. Cela constitue une stratégie d'adaptation à l'égard des contraintes environnementales. Jaouadi et al., (2010) stipulent quant à eux que des concentrations croissantes en NaCl vont réduire l'absorption de l'eau dans le milieu entraînant ainsi une difficulté d'hydratation des graines à cause d'un potentiel osmotique élevé.

Selon Yildirim et Guvenc (2006), la salinité peut également affecter la germination, suite à l'absorption des ions toxiques, qui peuvent causer des changements dans les activités enzymatiques ou hormonales des semences.

1.2. Cinétique de germination (CG, %)

Les figures 9 et 10 présentent l'évolution de la germination des deux variétés de blé dur étudiées en fonction du temps pour l'ensemble des traitements. Les résultats montrent que les courbes relatives aux taux de germination des graines traitées (donc stressées) sont situées en-dessous de celles des courbes témoins. On remarque que le sel a provoqué une augmentation du temps nécessaire pour la germination chez les graines testées.

Chapitre III: Résultats et discussion

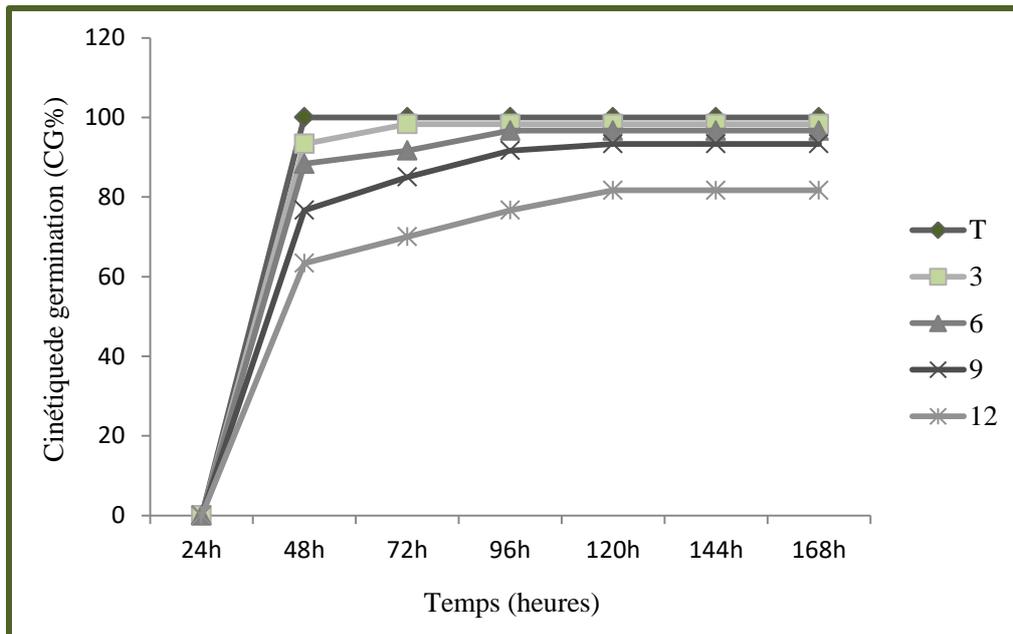


Figure 9 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la cinétique de germination de la variété Beliouni.

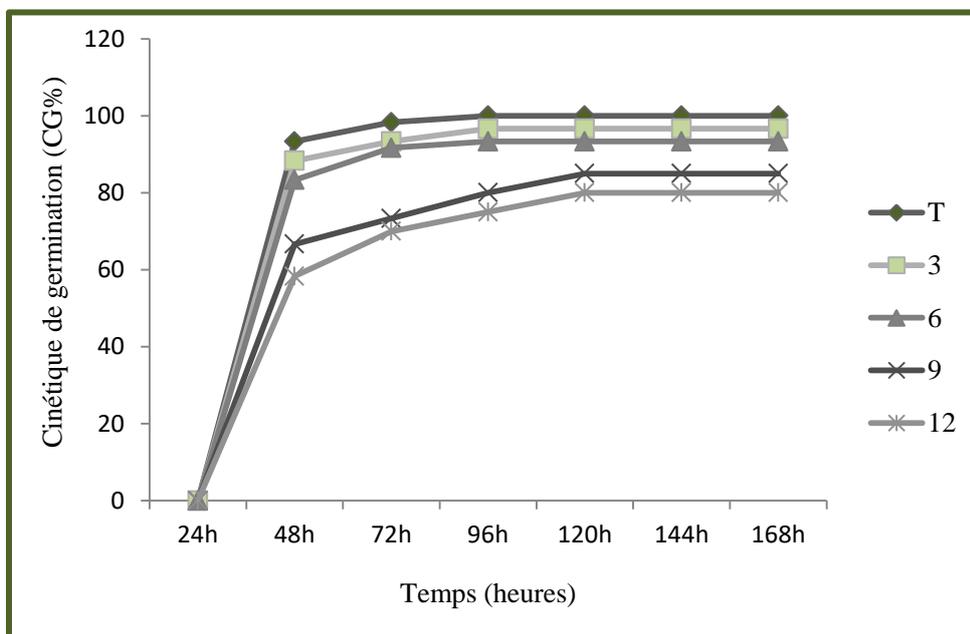


Figure 10: Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la cinétique de germination de la variété Waha.

Chapitre III: Résultats et discussion

Les courbes des cinétiques de germination décrivent une forme sigmoïde comprenant trois phases:

- une phase de latence, nécessaire à l'apparition des premières germinations, elle est due à l'inhibition de la germination (Jaoudi et *al.*, 2010). La durée de cette phase est variable selon la concentration du NaCl. Elle est courte voire absente chez le lot des témoins.
- une seconde phase, correspondant à une augmentation rapide du taux de germination qui évolue proportionnellement au temps (Alaoui et *al.*, 2013). Les variétés Beliouni et Waha, montrent un taux maximal après trois jours d'incubation en présence de 3 g/l de NaCl. En présence de 6 et de 9 g/l de NaCl, le taux maximal est atteint après quatre jours à la suite desquels on constate une stagnation pour les taux enregistrés. Tandis qu'en présence de 12 g/l de NaCl on constate une stagnation des taux après le cinquième jour (Figure 9 et 10). La différence remarquée concerne le taux qui est plus faible chez Waha comparativement à Beliouni.
- une troisième phase correspondant à un arrêt de la germination, après avoir atteint la capacité germinative maximale (Jaoudi et *al.*, 2010) et traduisant ainsi le potentiel germinatif de chaque variété et pour chaque concentration.

Les variétés étudiées ont subi d'une part, une diminution du taux de germination à cause de l'augmentation de la concentration du sel. Cette diminution est due à la réduction de l'utilisation des réserves des graines (Askri et *al.*, 2007). D'autre part, l'augmentation de la concentration en NaCl a également provoqué, un allongement de la période de germination. Ce retard s'expliquerait par le temps nécessaire à la graine afin de mettre en place des mécanismes lui permettant d'ajuster sa pression osmotique interne (Ben Miled et *al.*, 1986 ; Jaouadi et *al.*, 2010). De plus conformément à Ghrib et *al.*, (2011), ce retard peut aussi être dû à l'altération des enzymes et des hormones qui se trouvent dans la graine en cas de toxicité causée par le stress salin.

1.3. Germination moyenne journalière (MDG, %) et vitesse de germination (VG)

L'effet des quatre traitements salin sur la moyenne journalière de germination est illustré dans la figure 11 et 12. On a noté que pour les deux génotypes étudiés, l'augmentation

Chapitre III: Résultats et discussion

de la concentration en NaCl a provoqué une diminution de la germination moyenne journalière ; accompagné d'une diminution de la vitesse de germination (Figure 13).

On remarque qu'en absence de NaCl, le taux moyen de germination journalière atteint les 14.28 % chez les deux variétés Beliouni et Waha.

La diminution de la vitesse de germination des graines en présence du chlorure de sodium se répercute négativement sur les moyennes de germination journalière des génotypes. Pour des concentrations de 3 et de 6 g/l de NaCl, la MDG présente des valeurs aux alentours de 14.04 % et de 13.80 % respectivement pour la variété Beliouni. Chez Waha, elles sont de 13.80 % et de 13.33 % respectivement. Pour ce qui est du traitement à 9 et à 12 g/l de NaCl, les valeurs enregistrées continuent à baisser pour atteindre 13.33 %, et 11.66 % respectivement chez Beliouni et 12.14 % et 11.42 % respectivement chez Waha. Bien que la MDG diminue chez les deux variétés de blé dur testées, elle reste plus élevée chez Beliouni comparativement à Waha.

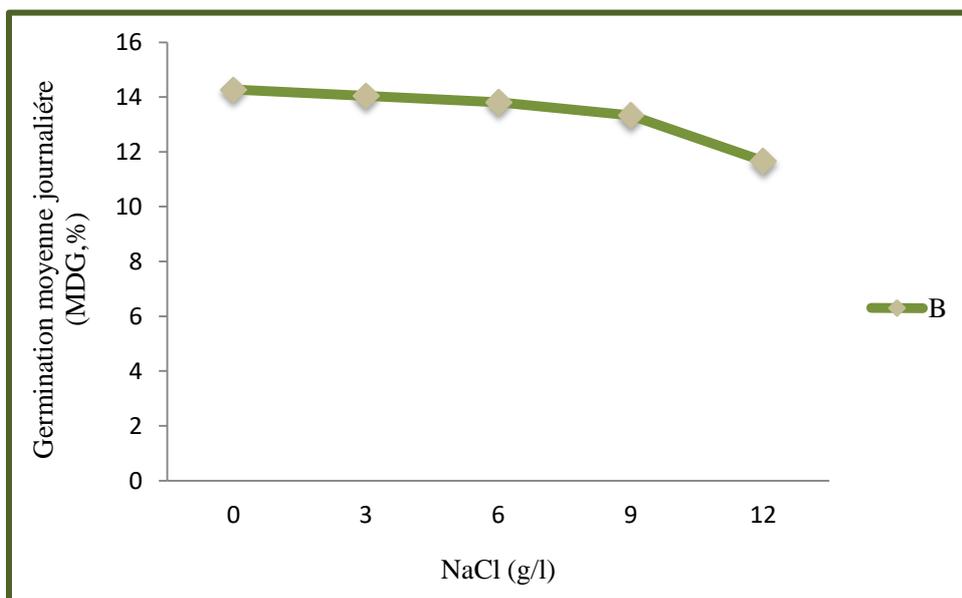


Figure 11 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la germination moyenne journalière de la variété Beliouni.

Chapitre III: Résultats et discussion

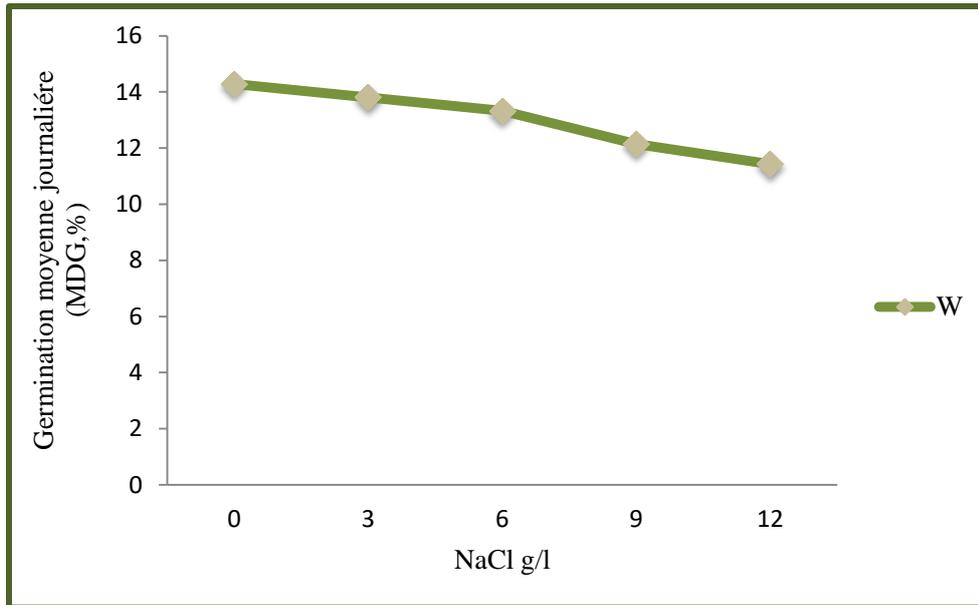


Figure 12 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la germination moyenne journalière de la variété Waha.

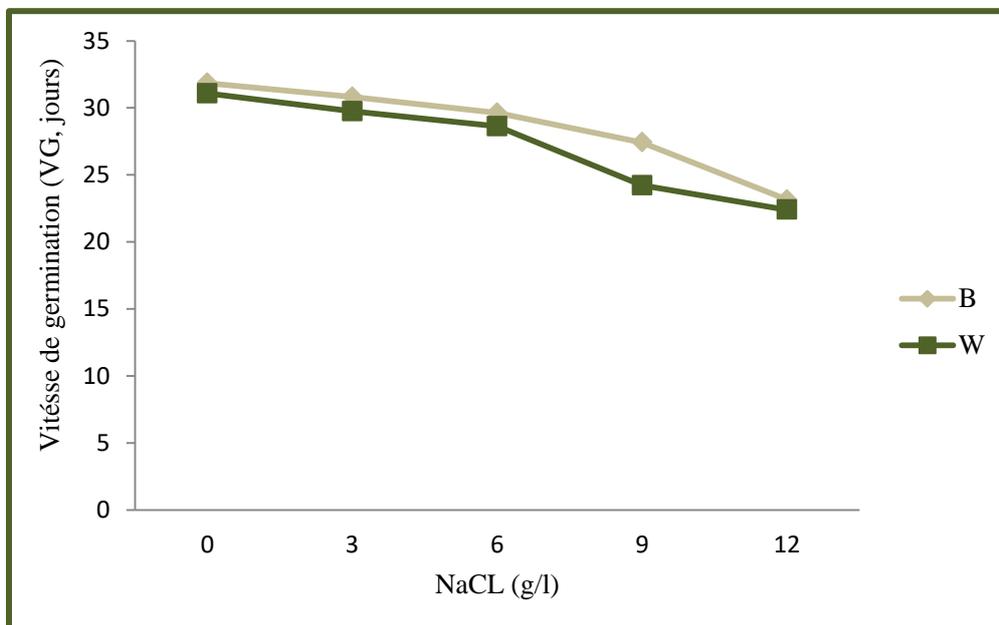


Figure 13 : Effets de différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) sur la vitesse de germination chez les variétés de blé dur étudiées.

Chapitre III: Résultats et discussion

Les résultats qui concerne la germination moyenne journalière sont vérifiés par l'analyse de la variance et la comparaison des moyennes ; ce qui fait ressortir un effet très hautement significatif pour les facteurs génotype et traitement. De même que pour leur interaction (traitement \times génotype). Quant au paramètre vitesse de germination, l'effet traitement et l'effet génotype sont respectivement très hautement significatif et hautement significatif. Par contre leur interaction ne l'est pas (Tableau 3).

Tableau 3 : Carrés moyens de l'analyse de variance du taux de germination finale (G, %), de la moyenne de germination journalière (MDG, %) et de la vitesse de germination (VG) des deux variétés de blé dur testées.

Facteurs	Variables		
	G%	MDG%	VG
Traitements (T)	352,083***	5,044***	75,681***
Génotypes (G)	67,500**	6,797***	13,995**
Interaction (G x T)	15,417 ^{ns}	1,533***	1,625 ^{ns}

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

L'étude effectuée montre que le sel ralentit la vitesse de germination et diminue la moyenne de germination journalière. Cet effet dépressif a déjà été soulignée par plusieurs études (Hajlaoui et al., 2007 ; Khayatnezhad, et Gholamin, 2011 ; Moussa et al., 2014).

Le ralentissement de la vitesse de germination ainsi que la diminution de la MDG de l'ensemble des génotypes avec l'augmentation de la concentration saline sont dus au temps nécessaire à la graine afin de mettre en place des mécanismes lui permettant d'ajuster sa pression osmotique interne (Bliss et al., 1986 ; Jaouadi et al., 2010 ; Alaoui et al., 2013). Cela peut également s'expliquer par l'effet négative qu'exerce la salinité sur la vitesse de remobilisation des réserves d'amidon causée par une réduction de l'activité de l' α amylase (Fuller et al., 2012).

Chapitre III: Résultats et discussion

1.4. Indice de la germination (GI) et de tolérance au stress de la germination (GSI, %)

Les résultats concernant les deux indices GI et GSI sont présentés dans le tableau 5. Pour le premier indice (GI) et c'en condition non stressante, la valeur la plus élevée est enregistrée chez Beliouni avec 50%. En conditions de stress c'est toujours Beliouni qui enregistre les valeurs les plus élevées en notant tous de même une nette diminution en présence de 12g/l de NaCl avec 36.41%. La valeur la plus basse est bien entendue observée chez Waha avec 34.91%.

Tableau 4: Moyennes des indices GI et GSI calculées pour les différentes concentrations de NaCl (0, 3, 6, 9, 12g/l) chez les deux variétés étudiées.

Traitements (g/l)	GI		GSI (%)	
	Beliouni	Waha	Beliouni	Waha
0	50	48,66666667		
3	48,16666667	46,66666667	96,33333333	95,87666667
6	46,66666667	44,66666667	93,33333333	91,79666667
9	43,08333333	38,08333333	86,16666667	78,26333333
12	36,41666667	34,91666667	72,66666667	71,75333333

En utilisant les GI, en présence et en absence de stress salin les valeurs de l'indice GSI ont été calculées. En situation contrôle tout comme en situation de stress, les valeurs les plus élevées sont observées chez Beliouni. À noter tout de même que les valeurs calculées après exposition à une concentration en NaCl de 12g/l, sont relativement proches chez les deux variétés, avec 72,66% pour Beliouni et 71,75 % pour Waha.

Ces données confrontées au test statistique à l'aide de l'analyse de la variance et la comparaison des moyennes, révèlent un effet très hautement significatif du facteur traitement et génotype. Par contre l'interaction est non significative pour les deux indices (Tableau 5).

Chapitre III: Résultats et discussion

Tableau 5: Carrés moyens de l'analyse de variance de l'indice de germination (GI) et de l'indice de tolérance au stress de la germination (GSI, %) des deux variétés de blé dur testées.

Facteurs	Variables	
	GI	GSI%
Traitements (T)	185,488***	1101.40***
Génotypes (G)	38,533***	25032.69***
Interaction (G x T)	3,596 ^{ns}	235.49 ^{ns}

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Selon Sapara *et al.*, (1991), les génotypes de blé et de triticale possédant les valeurs de GSI les plus élevées sont plus aptes à être utilisés en conditions stressantes. Des résultats similaires ont également été rapportés pour des génotypes d'orge d'origine tunisienne (Abdi *et al.*, 2016).

1.5. Longueur racinaire (LR, cm)

Les données issues de l'étude du système racinaire, sous différentes concentrations de NaCl, sont présentées sur la figure 14. Cette dernière, montre que, quelle que soit la variété, les longueurs racinaires en conditions de stress sont plus réduites comparativement aux témoins et ceci pour toutes les concentrations utilisées.

En absence de contrainte saline (témoins), les deux variétés présentent une longueur élevée, les valeurs varient entre 11.5 cm (chez Beliouni) et 9.96 cm (chez Waha). En présence de 3 g/l de NaCl, les longueurs restent comme même élevées chez Beliouni avec 11.08 cm. Chez Waha elles sont égales à 8.9 cm. Une diminution qui devient de plus en plus marquée à mesure que les concentrations augmentent, les valeurs notées sont de l'ordre de : 7.96 cm, 4.55 cm et 3.98 cm respectivement en présence de 6, 9 et 12g/l de NaCl chez Beliouni. Concernant Waha elles sont de : 7.85 cm, 4.16 cm et 3.61 cm respectivement en présence de 6, 9 et 12g/l. De manière générale, on a observé que Beliouni possédait les racines les plus longues et ceux quelle que soit la concentration de sel utilisée.

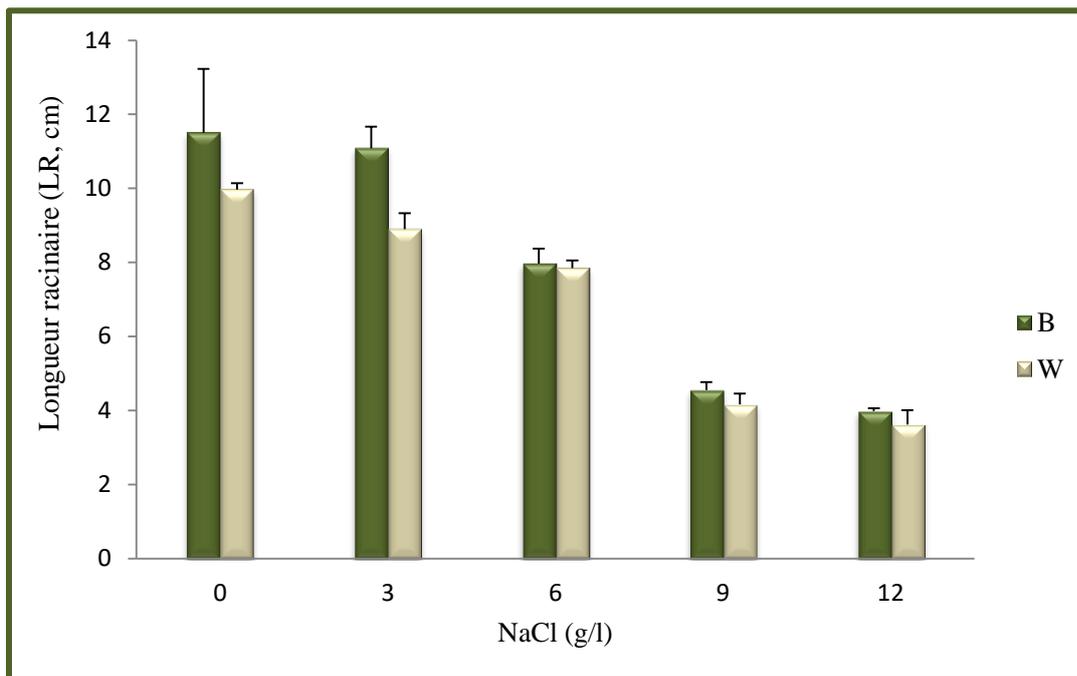


Figure 14: Evolution de la longueur racinaire sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.

L'analyse de variance pour ce paramètre révèle un effet très hautement significatif du facteur traitement et hautement significatif pour le facteur génotype. Quant à l'interaction (traitement \times génotype), elle est significative (Tableau 6).

Les résultats obtenus pour les longueurs racinaires sont similaires à des travaux antérieurs notamment ceux de Benderradji et *al.*, (2016) chez le blé dur, de Benmahioul et *al.*, (2009) chez des plantules de pistachier et de Okçu et *al.*, (2005) chez le petit pois. Le sel exerce chez le blé un impact négatif dont l'intensité dépend de la concentration utilisée (Benderradji et *al.*, 2009).

Chapitre III: Résultats et discussion

1.6. Nombre des racines (NBR)

Les valeurs obtenues sont illustrés dans la figure15. On observe la encore une réduction du nombre des racines chez les plantes stressées comparativement aux témoins.

En condition contrôle, le nombre des racines fut le plus élevé avec une moyenne de 5 racines par plantule chez Beliouni et 5.13 racines par plantule chez Waha. Pour une concentration de 3g/l de NaCl on a noté une moyenne de 4 racines par plantule chez les deux variétés. Pour une concentration de 6 et g/l de NaCl, la moyenne du nombre de racines est restée avoisinante aux valeurs précédentes avec 4 et 3.76 racines chez Beliouni et Waha respectivement. Ce paramètre est plus affecté en présence de 9 et de 12 g/l chez les deux génotypes avec 3 racines par plantule.

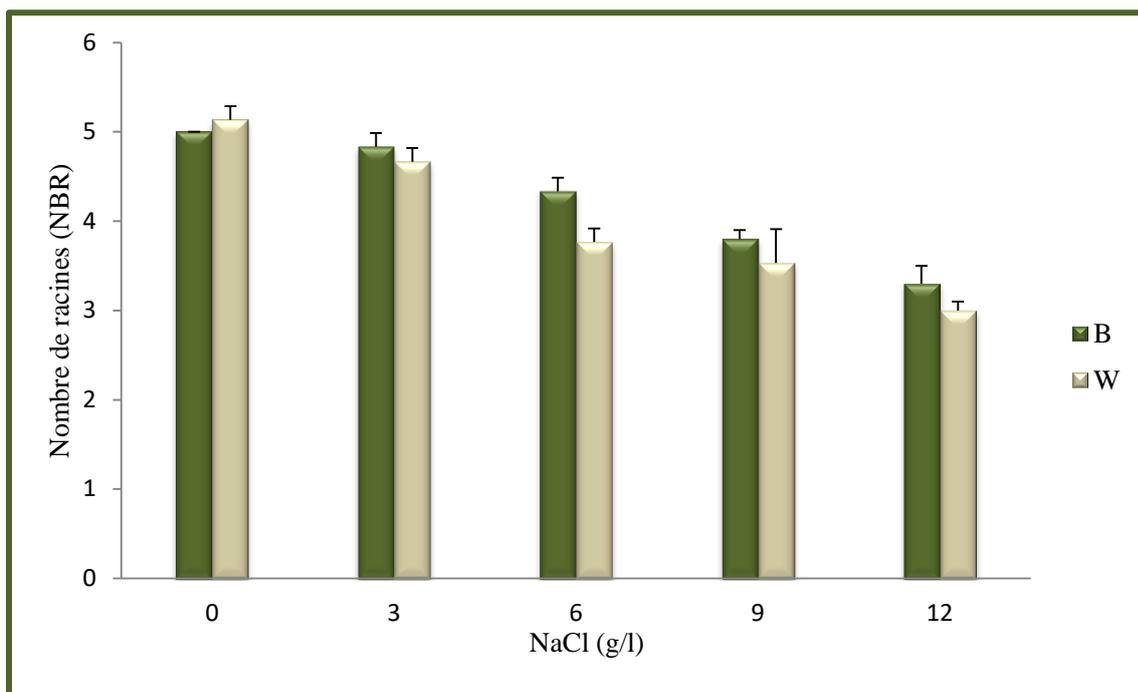


Figure 15: Evolution de le Nombre des racines sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.

L'analyse de la variance et la comparaison des moyennes du nombre de racines (Tableau 6), fait ressortir un effet traitement très hautement significatif ($p < 0.001$), un effet génotype hautement significatif ($p < 0.01$) et un effet interaction (traitement x génotype) significatif ($p < 0.05$).

Conformément à nos résultats, Nibau et *al.*, (2008) ainsi que Adjel et *al.*, (2013), rapportent l'effet négatif de la salinité sur le nombre des racines. La longueur et le nombre des racines sont des critères importants d'adaptation pour la tolérance au stress salin. L'intensité du stress imposé a provoqué une réduction des valeurs enregistrées pour ces deux paramètres. Cette réduction est probablement due à un arrêt de la division et de l'élongation cellulaire au niveau de la racine (Radhouane, 2007). L'émergence de la radicule pendant la germination est contrôlée par l'osmolarité du milieu alors que la croissance ultérieure de la plantule est limitée par la mobilisation et le transport des réserves vers l'axe embryonnaire (Gomes et *al.*, 1983).

1.7. Longueur du coléoptile (LC, cm)

L'action inhibitrice du NaCl sur le développement du coléoptile est présentée dans la figure 16.

En condition contrôle, la longueur du coléoptile atteint les 6.53cm chez Belioni et les 3.43cm chez Waha. Pour les deux premiers niveaux de stress à savoir 3 et 6 g/l de NaCl, la longueur est tous d'abord légèrement affectée ; elle passe de 5.38cm à 4.11cm chez Belioni respectivement. Alors que pour Waha, elle baisse de 3.25cm à 2.11cm respectivement. Pour les deux autres niveaux de stress soit 9 et 12g/l de NaCl, Belioni enregistre les valeurs suivantes : 3.23cm et 1.52cm respectivement. Tandis que Waha exhibe les valeurs suivantes : 1.73cm et 0.75cm respectivement.

D'après l'analyse de la variance effectuée sur les deux facteurs traitement et génotype ainsi que d'après l'analyse de leur interaction ; l'ANOVA est très hautement significative pour les trois (Tableau 6).

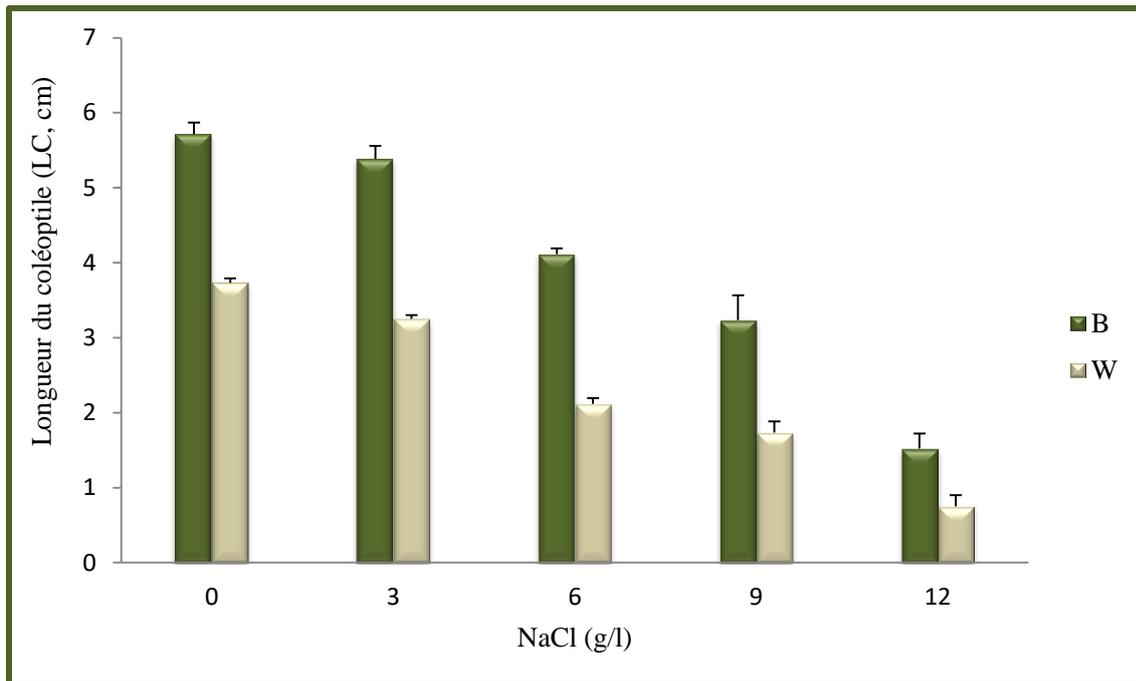


Figure 16: Evolution de la Longueur du coléoptile sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.

1.8. Longueur des feuilles (LF, cm)

L'effet des différentes intensités de stress salin appliqués sur l'aspect élongation des feuilles des deux génotypes de blé dur testés est présenté dans la figure 17. Les résultats montrent une diminution importante de la longueur des feuilles en fonction des concentrations utilisées.

En absence de stress, la longueur des feuilles atteint les 11.5cm chez Belioni et les 9.96 cm chez Waha. Un stress salin de 3 g/l de NaCl possède une faible incidence, puisque les longueurs sont de 11.08 et 8,9cm respectivement chez Belioni et Waha. Un stress salin de l'ordre de 6 et de 9g/l de NaCl affecte de manière très notable la longueur foliaire avec 7.96 et 4.55cm respectivement chez Belioni. De même que pour Waha avec 7.85 et 4.16cm respectivement. Concernant la concentration maximale de 12 g/l de NaCl les valeurs relevées descendent jusqu'à 3.98 et 3.61cm respectivement chez Belioni et Waha.

Chapitre III: Résultats et discussion

L'analyse des résultats montre que la concentration en sel du milieu influe sur la croissance en longueur des feuilles pour les deux génotypes de blé dur étudiés ; mais avec un plus grand impact sur Belioni pour les concentrations élevées.

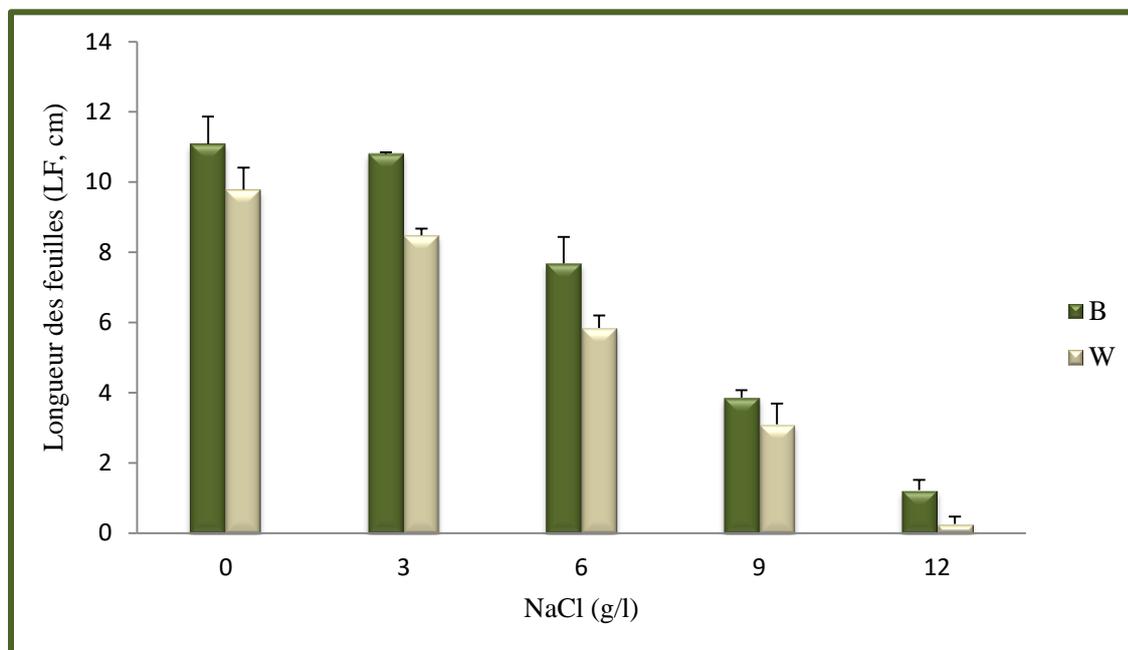


Figure 17: Evolution de la Longueur des feuilles sous condition contrôle (0 g/l) et sous différentes conditions de stress salin (NaCl à 3, 6, 9 et 12) chez les variétés de blé dur étudiées.

Tableau 6: Carrés moyens de l'analyse de variance de longueur racinaire (LR, cm), du nombre des racines (NBR), de la longueur du coléoptile (LC, cm) et de la longueur des feuilles (LF, cm) des deux variétés de blé dur testées.

Facteurs	Variables			
	LR	NBR	LC	LF
Traitements (T)	60,434***	3,665***	12,511***	100,835***
Génotypes (G)	6,302**	0,408**	21,118***	15,437***
Interaction (G x T)	1,204*	0,096*	0,470***	0,611 ^{ns}

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Chapitre III: Résultats et discussion

L'analyse de la variance à deux critères de classification montre que ce paramètre diffère de manière très hautement significative ($P < 0,001$) pour les deux facteurs par contre leur interaction (G x T) est non significative (Tableau 6).

La diminution de la croissance aérienne observée au niveau des plantules peut s'expliquer par une baisse de la capacité photosynthétique (Fahad et *al.*, 2015) ; ainsi que par une perturbation des taux de régulateurs de croissance dans les tissus (particulièrement l'acide abscissique et les cytokinines). On considère également une telle réduction comme une stratégie adaptative nécessaire à la survie des plantes exposées à la salinité. En effet, elle permet à ces dernières d'emmagasiner l'énergie nécessaire pour faire face au stress (Benmahioul et *al.*, 2009 ; Daroui et *al.*, 2013).

1.9. Réversibilité de l'action du sel

Les paramètres étudiés précédemment ont montré que le sel exerce, à fortes doses, un effet dépressif sur la germination des graines chez les variétés de blé dur étudiées. Cette action peut être osmotique et/ou toxique. Dans la mesure où elle est d'origine osmotique, on devrait s'attendre à une reprise de la germination après levée de cette contrainte. Par contre, si des phénomènes de toxicité ionique interviennent, on peut prévoir l'absence de cette reprise de germination (Alaoui et *al.*, 2013).

Le transfert des graines non germées de la concentration de 12 g/l de NaCl dans de l'eau distillée, a été conduit afin de préciser l'origine de l'inhibition. Cette action n'a pas été suivie d'une reprise de la germination chez les deux génotypes testés et l'inhibition est irréversible. Ce résultat indique donc que l'effet du NaCl est de nature toxique. Ce phénomène de toxicité est dus à l'accumulation des ions Na^+ et Cl^- dans l'embryon, ce qui contribue à l'altération des processus métaboliques de la germination voire même à la mort de l'embryon par excès d'ions (Mirmazloum et *al.*, 2010 ; Hajlaoui et *al.*, 2007).

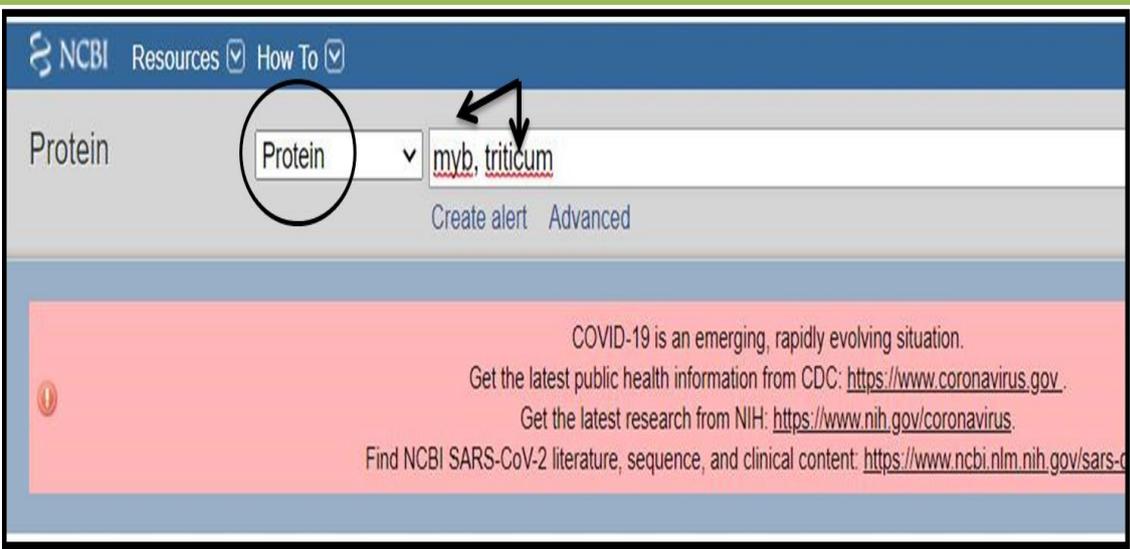
Chapitre III: Résultats et discussion

2. Résultat de la recherche sur NCBI

Les données issue de la recherche faite sur NCBI possèdent une nomenclature de description et constituent ainsi les notices. Chaque notice est organisée en champs, pour lesquels des descripteurs spécifient une information relative aux propriétés d'un objet biologique. La recherche a été faite à la fois dans la catégorie protéine et dans la catégorie gène, les résultats sont présentés dans les tableaux ci-dessous.

Tableau 7: Recherche de la séquence souhaitée dans la catégorie Protéine.

1-La catégorie protéine a été sélectionnée dans le bandeau de recherche. De même que la famille ciblée et l'organisme



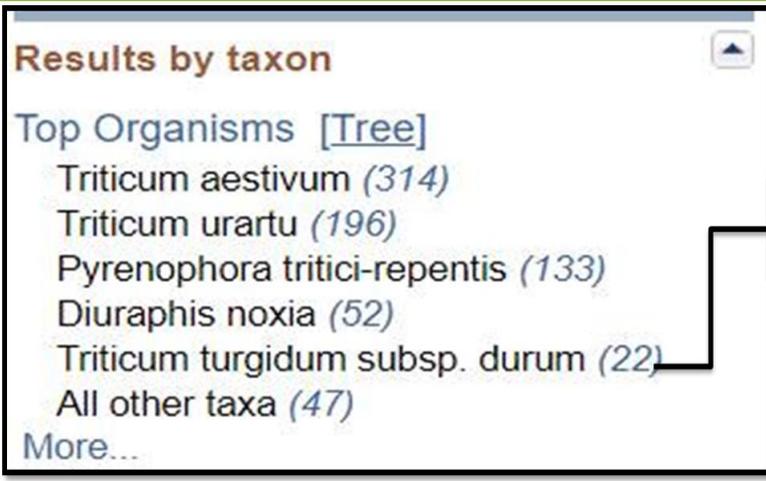
NCBI Resources How To

Protein Protein myb, triticum

Create alert Advanced

COVID-19 is an emerging, rapidly evolving situation.
Get the latest public health information from CDC: <https://www.coronavirus.gov>.
Get the latest research from NIH: <https://www.nih.gov/coronavirus>.
Find NCBI SARS-CoV-2 literature, sequence, and clinical content: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sars-c>

2-Identification sur NCBI de la séquence d'intérêt (appartenant à la famille des MYB) : les résultats sont triés par espèce



Results by taxon

Top Organisms [Tree]

- Triticum aestivum (314)
- Triticum urartu (196)
- Pyrenophora tritici-repentis (133)
- Diuraphis noxia (52)
- Triticum turgidum subsp. durum (22)
- All other taxa (47)

More...

Sélectionner l'espèce recherchée, ici le blé dur

Chapitre III: Résultats et discussion

3-Notice NCBI (extrait, la notice complète représente une vingtaine de pages).

GenBank: VAH11664.1
[Identical Proteins](#) [FASTA](#) [Graphics](#)

Go to:

LOCUS VAH11664 442 aa linear PLN 14-JUN-2019
DEFINITION unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum].
ACCESSION VAH11664
VERSION VAH11664.1
DBLINK BioProject: [PRJEB22687](#)
BioSample: [SAMEA104312462](#)
DBSOURCE embl accession [LT934111.1](#)
KEYWORDS .
SOURCE Triticum turgidum subsp. durum (durum wheat)
ORGANISM [Triticum turgidum subsp. durum](#)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta;
Spermatophyta; Magnoliopsida; Liliopsida; Poales; Poaceae; BOP
clade; Pooideae; Triticoideae; Triticeae; Triticinae; Triticum.

REFERENCE 1
AUTHORS Milanesi, L.
CONSRTM International Durum Wheat Genome Sequencing Consortium (IDWGSC)
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (20-SEP-2017) ITB-CNR, Via F.lli Cervi, Segrate (Mi), Italy

FEATURES Location/Qualifiers
source 1..442
/organism="Triticum turgidum subsp. durum"
/sub_species="durum"
/db_xref="taxon:4567"
/chromosome="1A"
[Protein](#) 1..442
/name="unnamed protein product"
[Region](#) 118..203
/region_name="Myb_DNA-bind_4"
/note="Myb/SANT-like DNA-binding domain; pfam13837"
/db_xref="CDD:338966"

4-La séquence de la protéine choisie.

unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]

GenBank: VAH11664.1
[GenPept](#) [Identical Proteins](#) [Graphics](#)

```
>VAH11664.1 unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]
MDRSNLPGGNTTQGTQPYASLNLHGNSLQMHAPSSGKHLFNQSQMPGSFTMPINRATEHDNPGSGGFVEH
GKKDHHQQQQHNLIKNSISDDEEHDHTEADTAQSGKGGKGSANHRMKNWTGSMVKLLITAASYTGEDP
GADLGGGRRNITVMQKKGKWKAKISKVMGERGCNVSPQQCEDKFNDLNKRYKRLTDILGRGTACNVVDNPA
LLDCHMNLSDKMKEDARKILNSKHLFYEMMCSYHNNRNVLPEDLALQHSLQVALRCKEEDHPRRDASGD
AEEDDSADSDYEDHDEHQAVHHSNROPSMINKRMCHALDHGDAGFLTSSNDGSGSLDPHGIALDINIG
FTDGTNLSVVRKELASQATELRKRLQIEAQELEVTEQRLKWERFKRKKDREIERMESENEEMMLENKRL
ELQLKHKELEVELKLGKNDPHE
```

Cette protéine a été choisie à cause de son implication dans la réponse au stress salin

Chapitre III: Résultats et discussion

Tableau 8 : Recherche de similarité au moyen de BLAST.

1-Alignement de la séquence d'intérêt (enter le numéro d'accèsion ou la forme FASTA).

The screenshot shows the BLAST web interface with several key elements highlighted by callouts:

- Enter Query Sequence:** A text input field containing the accession number "VAH11664.1". A callout box labeled "Numéro d'accèsion De la protéine cible" points to this field.
- Choose Search Set:** A dropdown menu for the "Database" is set to "Non-redundant protein sequences (nr)". A callout box labeled "Choix de la base de données" points to this dropdown.
- Program Selection:** A radio button selection for the "Algorithm" is set to "blastp (protein-protein BLAST)". A callout box labeled "Choix de l'algorithme" points to this selection.

Other visible elements include the "BLAST" button, a "Show results in a new window" checkbox, and a link for "Algorithm parameters".

Chapitre III: Résultats et discussion

-Résultats du BLAST entre la protéine MYB et d'autres séquences déjà répertoriées.

BLAST® » blastp suite » results for RID-E4S3F1Z8016

Job Title: emb|VAH11664.1
 RID: E4S3F1Z8016
 Program: BLASTP
 Database: nr
 Query ID: VAH11664.1
 Description: unnamed protein product [Triticum tur...]
 Molecule type: amino acid
 Query Length: 442

Putative conserved domains have been detected. **Myb_DNA-bind_4** (GT1 superfamily)

Distribution of the top 100 Blast Hits on 100 subject sequences

Conserved domains on [gi|1572572794|emb|VAH11664.1]
 unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]

Graphical summary: **Myb_DNA-bind_4** (GT1 superfamily)

Le domaine conservé est un domaine de liaison à l'ADN et qui semble être apparenté aux Myb

Name	Accession	Description	Interval	E-value
[+] Myb_DNA-bind_4	pfam13837	Myb/SANT-like DNA-binding domain; This presumed domain appears to be related to other Myb ...	118-203	2.22e-13
[+] GT1	cd12203	GT1, myb-like, SANT family; GT-1, a myb-like protein, is one of the GT trihelix transcription ...	120-192	1.01e-07
[+] G_path_suppress	pfam15991	G-protein pathway suppressor; This family of proteins inhibits G-protein- and ...	372-434	3.53e-03

Chapitre III: Résultats et discussion

Sequences producing significant alignments Download ▾ Manage Columns ▾ Show 100 ▾ ?

select all 99 sequences selected [GenPept](#) [Graphics](#) [Distance tree of results](#) [Multiple alignment](#)

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> SAB [Triticum aestivum]	923	923	100%	0.0	100.00%	QBC41017.1
<input checked="" type="checkbox"/> hypothetical protein TRIUR3_08128 [Triticum urartu]	919	919	100%	0.0	99.55%	EMS60166.1
<input checked="" type="checkbox"/> stress response protein NST1-like [Aegilops tauschii subsp. tauschii]	905	905	100%	0.0	97.97%	XP_020187300.1
<input checked="" type="checkbox"/> SAB [Triticum aestivum]	905	905	100%	0.0	96.89%	QBC41019.1
<input checked="" type="checkbox"/> SAB [Triticum aestivum]	897	897	100%	0.0	97.06%	QBC41018.1
<input checked="" type="checkbox"/> unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]	891	891	100%	0.0	96.84%	VAH23857.1
<input checked="" type="checkbox"/> hypothetical protein D1007_47224 [Hordeum vulgare]	861	861	100%	0.0	94.80%	KAE8779655.1
<input checked="" type="checkbox"/> hypothetical protein D1007_36518 [Hordeum vulgare]	687	687	99%	0.0	77.78%	KAE8789270.1
<input checked="" type="checkbox"/> uncharacterized protein LOC109760399 [Aegilops tauschii subsp. tauschii]	682	682	99%	0.0	76.35%	XP_020174820.1
<input checked="" type="checkbox"/> unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]	679	679	99%	0.0	77.20%	VAH93471.1
<input checked="" type="checkbox"/> hypothetical protein TRIUR3_28119 [Triticum urartu]	677	677	99%	0.0	76.52%	EMS64901.1
<input checked="" type="checkbox"/> unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]	676	676	98%	0.0	77.45%	VAH93470.1
<input checked="" type="checkbox"/> unnamed protein product [Triticum turgidum subsp. durum]	670	670	99%	0.0	76.19%	VAI03565.1

Séquences produisant des alignements significatifs avec leur E value et leur pourcentages d'identité

Chapitre III: Résultats et discussion

Download ▾ GenPept Graphics

SAB [Triticum aestivum]
 Sequence ID: [QBC41017.1](#) Length: 442 Number of Matches: 1
[See 1 more title\(s\) ▾](#)

Range 1: 1 to 442 [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Method	Identities	Positives	Gaps
923 bits(2386)	0.0	Compositional matrix adjust.	442/442(100%)	442/442(100%)	0/442(0%)

Related Information
[Identical Proteins](#) - Identical proteins to QBC41017.1

Query	1	MDRSNLPPGNTTQGT	PYASLNHGNLSQMHAPSSGKHLFNQSQMPGSFTMPINRATEHDN	60
Sbjct	1	MDRSNLPPGNTTQGT	PYASLNHGNLSQMHAPSSGKHLFNQSQMPGSFTMPINRATEHDN	60
Query	61	PGSGFQFVEHGKDDHQQQQQHNL	IKNSISDDEHDMTEDATDAQSGKGGKGSAWHRMK	120
Sbjct	61	PGSGFQFVEHGKDDHQQQQQHNL	IKNSISDDEHDMTEDATDAQSGKGGKGSAWHRMK	120
Query	121	WTGSMVKLLITAASYTGEDPGADLGGRRNI	TMQKKGKWAISKVMGERGCNVSPOQCE	180
Sbjct	121	WTGSMVKLLITAASYTGEDPGADLGGRRNI	TMQKKGKWAISKVMGERGCNVSPOQCE	180
Query	181	DKFNDLNKRYKRLTDILGRGTACNVDN	PALLDCMNLSDMKEDARKILNSKHLFYEYM	240
Sbjct	181	DKFNDLNKRYKRLTDILGRGTACNVDN	PALLDCMNLSDMKEDARKILNSKHLFYEYM	240
Query	241	CSYHNWRVNLPEDLALQHSQVALRCKE	EHDPRRDASGDAEEDHSADSDYEDHDEEHQ	300
Sbjct	241	CSYHNWRVNLPEDLALQHSQVALRCKE	EHDPRRDASGDAEEDHSADSDYEDHDEEHQ	300
Query	301	AVHSHMRDPSMNRKMC	HALDHGDAGFLTSSNDGSGSLDPHGIALDINNGFTDGTNLSVW	360
Sbjct	301	AVHSHMRDPSMNRKMC	HALDHGDAGFLTSSNDGSGSLDPHGIALDINNGFTDGTNLSVW	360
Query	361	RKELASQAIELRKRRLQIEAQE	LEVTEQRLKWERFKRKKOREIERMESENEEMLENKRL	420
Sbjct	361	RKELASQAIELRKRRLQIEAQE	LEVTEQRLKWERFKRKKOREIERMESENEEMLENKRL	420
Query	421	ELQKHKKELEVELKLG	NPDHE 442	
Sbjct	421	ELQKHKKELEVELKLG	NPDHE 442	

Download ▾ GenPept Graphics [Next](#) [Previous](#) [Descriptions](#)

hypothetical protein TRIUR3_08128 [Triticum urartu]
 Sequence ID: [EMS60166.1](#) Length: 442 Number of Matches: 1
[Range 1: 1 to 442](#) [GenPept](#) [Graphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score Expect Method Identities Positives Gaps

Activat V

Résultats détaillé de l'alignement

Chapitre III: Résultats et discussion

Description	Score	E value	Accession
Triticum aestivum (bread wheat) [monocots]			
SAB (Triticum aestivum)	923	0.0	QBC41017
SAB (Triticum aestivum)	905	0.0	QBC41016
SAB (Triticum aestivum)	897	0.0	QBC41015
SAB (Triticum aestivum)	509	6e-176	QBC41014
SAB (Triticum aestivum)	508	1e-174	QBC41014
SAB (Triticum aestivum)	385	1e-121	QBC41014
Triticum turgidum subsp. durum (durum wheat) [monocots]			
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	923	0.0	VAH11664
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	891	0.0	VAH23857
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	879	0.0	VAH93471
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	876	0.0	VAH93470
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	870	0.0	VAI03565
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	867	0.0	VAI03564
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	585	0.0	VAI03568
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	507	4e-175	VAI15390
unnamed protein product (Triticum turgidum subsp. durum)	383	6e-121	VAI29598
Triticum urartu [monocots]			
hypothetical protein TRIUR3_08128 (Triticum urartu)	919	0.0	EIM360186
hypothetical protein TRIUR3_28119 (Triticum urartu)	877	0.0	EIM384881

Neuf résultats pour le blé dur dont les sept premiers ont une Evalue égale à 0

La protéine choisie (ID :VAH11664.1) possède une séquence de 442aa. L'alignement des séquences en acides aminés entre les différentes protéines MYB identifiées montre clairement l'existence de motifs conservés 'MYB_ DNA -binding' (Tableau 9). Selon Cao *et al.*, (2013) les membres des facteurs de transcription MYB possèdent un domaine de liaison à l'ADN hautement conservé et qui a permis de caractériser un grand nombre des membres de cette famille notamment chez *Arabidopsis* (126 membres R2R3 MYB, cinq 3RMYB et un 4R-like), *Populus trichocarpa* (192 membres R2R3 MYB et cinq 3RMYB), *Cucumis sativus* (55 membres R2R3 MYB) et chez le soja (244 membres R2R3 MYB, six R1R2R3 MYB et deux 4R-like MYB).

Chapitre III: Résultats et discussion

Tableau 9: Recherche de la séquence souhaitée dans la catégorie gène.

1-La catégorie gène a été sélectionnée dans le bandeau de recherche. De même que la famille ciblée et l'organisme

Gene myb, triticum Search

COVID-19 is an emerging, rapidly evolving situation.
Get the latest public health information from CDC: <https://www.coronavirus.gov>
Get the latest research from NIH: <https://www.nih.gov/coronavirus>
Find NCBI SARS-CoV-2 literature, sequence, and clinical content: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sars-](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sars-cov-2)

Tabular 20 per page Sort by Relevance

Send to: Filters: Manage Filters

Results by taxon

Top Organisms [Tree]

Triticum aestivum (54)

Homo sapiens (1)

GENE MYB orthologs from vertebrates

2-Notice NCBI (extrait de la notice dont le gène appartient au blé tendre à défaut).

Triticum aestivum clone TaMYB68 MYB-related protein mRNA, complete cds

GenBank: JF951951.1

FASTA Graphics

Go to: [v]

LOCUS JF951951 933 bp mRNA linear PLN 09-FEB-2017

DEFINITION Triticum aestivum clone TaMYB68 MYB-related protein mRNA, cds.

ACCESSION JF951951

VERSION JF951951.1

KEYWORDS .

SOURCE Triticum aestivum (bread wheat)

ORGANISM [Triticum aestivum](#)
Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliophyta; Liliopsida; Poales; Poaceae clade; Pooideae; Triticeae; Triticeae; Triticeae; Triticeae

REFERENCE 1 (bases 1 to 933)

AUTHORS Zhang, L., Zhao, G., Jia, J., Liu, X. and Kong, X.

TITLE **Molecular characterization of 60 isolated wheat MYB genes and analysis of their expression during abiotic stress**

JOURNAL J. Exp. Bot. 63 (4), 203-214 (2012)

PUBMED [21934119](#)

REFERENCE 2 (bases 1 to 933)

AUTHORS Zhang, L., Jia, J., Zhang, L. and Kong, X.

Le choix s'est porté sur une protéine MYB ayant fait l'objet d'une publication indiquant sont implication dans la réponse au stress salin (Zhang et al., 2012)

Chapitre III: Résultats et discussion

3-Résultats du BLAST entre la séquence MYB choisie et d'autres séquences déjà répertoriées.

Descriptions | Graphic Summary | Alignments | Taxonomy

Sequences producing significant alignments Download Manage Columns Show 100

select all 38 sequences selected GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
<input checked="" type="checkbox"/> Triticum aestivum clone TaMYB68 MYB-related protein mRNA, complete cds	1724	1724	100%	0.0	100.00%	JF951951.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Aegilops tauschii subsp. tauschii myb family transcription factor EFM-like (LOC109736409) mRNA	1535	1535	100%	0.0	96.46%	XM_020295632.1
<input checked="" type="checkbox"/> Hordeum vulgare subsp. vulgare mRNA for predicted protein, partial cds, clone NIASHv3103110	1418	1418	100%	0.0	94.66%	AK375760.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Brachypodium distachyon transcription factor HHO6 (LOC100822080) mRNA	6e-149	78.51%				XM_003579176.4
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Setaria viridis transcription factor NIGTH1-like (LOC117848497) transcript variant X2 mRNA	2e-129	76.80%				XM_034729927.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Setaria viridis transcription factor NIGTH1-like (LOC117848497) transcript variant X1 mRNA	2e-129	76.80%				XM_034729926.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Setaria italica transcription factor HHO3 (LOC101773071) mRNA	1e-126	76.71%				XM_004962969.3
<input checked="" type="checkbox"/> Brachypodium distachyon mRNA, clone PL016C01-A-007_G10	6e-119	78.44%				AK437628.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Panicum hallii transcription factor NIGTH1-like (LOC112887755) mRNA	3e-112	76.33%				XM_025954016.1
<input checked="" type="checkbox"/> Brachypodium distachyon mRNA, clone PL016C01-A-036_J14	6e-109	78.07%				AK429899.1
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Zea mays transcription factor HHO6 (LOC103640508) mRNA	337	337	53%	8e-88	79.32%	XM_008663279.3
<input checked="" type="checkbox"/> PREDICTED: Sorghum bicolor transcription factor HHO2 (LOC8069712) mRNA	285	285	77%	3e-72	75.09%	XM_021465935.1

Séquences produisant des alignements significatifs

Download GenBank Graphics Next Previous Descriptions

Triticum aestivum clone TaMYB68 MYB-related protein mRNA, complete cds
 Sequence ID: [JF951951.1](#) Length: 933 Number of Matches: 1

Range 1: 1 to 933 Next Match Previous Match

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
1724 bits(933)	0.0	933/933(100%)	0/933(0%)	Plus/Plus

```

Query 1  ATGGAGGCTTTCGCGCGAGCTCCCCATCAGCGTCCACCTCATCGCCGACGTGATCGAG 60
Sbjct 1  ATGGAGGCTTTCGCGCGAGCTCCCCATCAGCGTCCACCTCATCGCCGACGTGATCGAG 60
Query 61  TGGCTAAAGATGAGGTGGCGCAGCACCGGAGACCCGCGCCGGATCAGCTGCTCGCACCG 120
Sbjct 61  TGGCTAAAGATGAGGTGGCGCAGCACCGGAGACCCGCGCCGGATCAGCTGCTCGCACCG 120
Query 121  GCGCCGTGCGCGTCACTGACCGCGGAAAAGAGGAAGCGGAGGTCGTCAAGACGGAA 180
Sbjct 121  GCGCCGTGCGCGTCACTGACCGCGGAAAAGAGGAAGCGGAGGTCGTCAAGACGGAA 180
Query 181  GCAGACGCGAGCGACAAGCGGAGCTGGATGAGCTCCGCGAGCTCTGGACCTGCGGGAGC 240
Sbjct 181  GCAGACGCGAGCGACAAGCGGAGCTGGATGAGCTCCGCGAGCTCTGGACCTGCGGGAGC 240
Query 241  CACAGCAGCACCAACAGCAATGGCGACAGGTCGCAAGAAACACGCGCAAAAGGTGTCC 300
Sbjct 241  CACAGCAGCACCAACAGCAATGGCGACAGGTCGCAAGAAACACGCGCAAAAGGTGTCC 300
Query 301  AATGCATTATGCCACTGAATGGCTTGCCAACTTAGCAAATCATCGGAGAGACCAAGAG 360
Sbjct 301  AATGCATTATGCCACTGAATGGCTTGCCAACTTAGCAAATCATCGGAGAGACCAAGAG 360
Query 361  GCGCGGCCATGGCAGTCCCGGAGCTGCTTCTCATCTCAGCGATCGACGCCCTTGC 420
Sbjct 361  GCGCGGCCATGGCAGTCCCGGAGCTGCTTCTCATCTCAGCGATCGACGCCCTTGC 420
    
```

Related Information
[Gene](#) - associated gene details

Résultats détaillé de l'alignement

hover to see the title click to show alignments Alignment Scores < 40 40 - 50 50 - 80 80 - 200 >= 200

38 sequences selected

Distribution of the top 40 Blast Hits on 38 subject sequences

Répartition des hits

Chapitre III: Résultats et discussion

La séquence du gène choisit TaMYB68 (ID : JF951951.1) fait 933pb, elle présente 96% d'identité avec un mRNA appartenant à *Aegilops taushii* et une séquence localisée sur le chromosome 12 d'*Oryza sativa japonica* et *Oryza sativa indica*.et 94% d'identité avec un mRNA d'orge. Malgré le grand nombre de gènes que compte cette famille de facteurs de transcriptions, seuls quelques-uns ont été étudiés en détail pour leur implication dans la réponse des plantes à la sécheresse et au stress salin (Rahaie et *al.*, 2010). Le gène MYB sélectionné code pour une protéine possédant un domaine de liaison à l'ADN de type R2R3 et dont la séquence est significativement conservée (Zhang et *al.*, 2012). Il semblerait que les MYB de type R2R3 soient impliquées dans les réponses des plantes aux stress environnementaux (Yang et *al.*, 2012).

Conclusion

Conclusion

La salinité des sols pose de graves problèmes à l'agriculture dans le monde entier, elle affecte aussi bien la germination que la croissance et le développement des plantes. Ces dernières doivent mettre en place des mécanismes d'adaptation qui leur permettent de supporter cette contrainte. Les mécanismes de tolérance à la salinité sont la résultante de plusieurs actions agissant en synergie, interagissant ensemble et conduisant à une réponse coordonnée.

Dans le cadre de notre travail, nous nous sommes tout d'abord consacrés à comparer le comportement au stade germinatif de deux variétés de blé dur (Beliouni et Waha) en présence de différentes concentrations de NaCl.

Les résultats obtenus indiquent que les variétés de blé dur étudiées sont affectées par l'action du NaCl, au stade de la germination. La présence de chlorure de sodium affecte la totalité des paramètres de germination examinés. Selon l'analyse des variables étudiées, Beliouni semble être capable de mieux tolérer des concentrations de NaCl allant jusqu'à 12g/l. La capacité germinative, la vitesse de germination, la germination moyenne journalière et la cinétique de germination des variétés étudiées sont touchées et elles diminuent avec l'augmentation de la concentration du chlorure de sodium ajouté. Concernant la croissance de la partie aérienne et de la partie racinaire, on remarque un effet négatif du sel sur leur croissance en fonction de la variété et de l'intensité du stress appliqué. L'effet dépressif du sel semble être de nature toxique. Les paramètres mesurés montrent que les génotypes étudiés ont utilisé les mêmes stratégies mais avec des différents degrés.

Une approche de recherche *in silico* pour caractériser des gènes appartenant à la famille des facteurs de transcription MYB (jouant un rôle potentiel dans la réponse mise en place face à la salinité) a également été réalisée. Cette recherche nous a permis d'accéder à des notices regroupant des informations relatives aux gènes et aux protéines MYB répertoriés sur NCBI.

Perspectives

Les résultats obtenus laissent entrevoir des perspectives qui nécessitent des études plus approfondies, à savoir :

Conclusion

- Effectuer des expérimentations sur champ afin de confirmer la véritable tolérance à la salinité des variétés étudiées en conditions réelles.
- Vérifier les résultats obtenus sur d'autres stades de développement du blé et sur un pool génétique élargi.
- Utiliser des outils bioinformatiques tels que le programme de la conception d'amorce (primer3) afin de mettre au point des amorces pour les gènes MYB sélectionnés. Ces amorces PCR pouvant être utilisés afin d'analyser l'expression des gènes cibles en conditions de stress salin et voir leur implication dans le comportement des variétés étudiées.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

- Abdelkader, S., Ramzi, C., Mustapha, R., Houcine, B., M'barek, B. N., Inagaki, M. N., & Abdallah, B.** (2015). Effect of salt stress on germination and biological growth of 50 genotypes of durum wheat (*Triticum durum* Desf). *Pakistan Journal of Nutrition*, 14(12), 957.
- Abdi, N., Wasti, S., Salem, M. B., El Faleh, M., & Mallek-Maalej, E.** (2016). Study on Germination of Seven Barley Cultivars (*Hordeum vulgare* L.) under Salt Stress. *Journal of Agricultural Science*, 8(8), 88-97.
- Abdi, N., Wasti, S., Slama, A., Salem, M. B., & Faleh, M. E.** (2016). Comparative study of salinity effect on some Tunisian barley cultivars at germination and early seedling growth stages. *J Plant Physiol Pathol* 4, 3, 2.
- Abe, H., Yamaguchi-Shinozaki, K., Urao, T., Iwasaki, T., Hosokawa, D., & Shinozaki, K.** (1997). Role of Arabidopsis MYC and MYB homologs in drought-and abscisic acid-regulated gene expression. *The Plant Cell*, 9(10), 1859-1868.
- Aboudaou, M.** (2011). Essai d'incorporation du germe du blé tendre dans une farine à tendance biscuitière (Doctoral dissertation).
- Adjel, F., Bouzerzour, H., & Benmahammed, A.** (2013). Salt Stress Effects on Seed Germination and Seedling Growth of Barley (*Hordeum Vulgare* L.) Genotypes. *Journal of Agriculture and Sustainability*, 3(2), 223-237.
- Agro, Agence Ecofin.** (2019). Algérie la récolte céréalière s'annonce abondante en 2019/2020. <https://www.agenceecofin.com/cereales/0807-67668-algerie-la-recolte-cerealieres-annonce-abondante-en-2019/2020>. Consulté le 16/07/2020.
- Aissani, N.** (2019). Etude comparative des effets du stress salin et hydrique sur la germination et sur le comportement physiologique et biochimique de deux variétés de blé dur. Université des Frères Mentouri Constantine1. Mémoire du Diplôme de Master.
- Alaoui, M. M., El Jourmi, L., Ouarzane, A., Lazar, S., El Antri, S., Zahouily, M., & Hmyene, A.** (2013). Effet du stress salin sur la germination et la croissance de six variétés marocaines de blé (Effect of salt stress on germination and growth of six Moroccan wheat varieties). *J. Mater. Environ. Sci*, 4(6), 997-1004.
- Ammar, M.** (2014). Organisation de la chaîne logistique dans la filière céréales en Algérie : états des lieux et perspective. Thèse de Doctorat de Ciheam Montpellier: pp 17-20.
- Anzala, F.** (2006). Contrôle de la vitesse de germination chez le maïs (*Zea mays*): étude de la voie de biosynthèse des acides aminés issus de l'aspartate et recherche de QTLs (Doctoral dissertation).

Références bibliographiques

- Arbaoui, M.** (2016). Effets du Stress Salin sur des Plantules de Tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) Cultivées sur Substrat Sableux amendé en Bentonite. Thèse de Doctorat Sciences Biologiques.
- Arif, F.** (2018). Effets du stress salin et d'osmoprotecteurs naturels sur la germination de blé dur (*Triticum durum*) inoculé par *Pseudomonas fluorescens* (Doctoral dissertation).
- Askri, H., Rejeb, S., Jebari, H., Nahdi, H., & Rejeb, M. N.** (2007). Effet du chlorure de sodium sur la germination des graines de trois variétés de pastèque (*Citrullus lanatus* L.). *Science et changements planétaires/Sécheresse*, 18(1), 51-55.
- Attab, S., & Brinis, L.** (2012). Etude comparative de la réponse physiologique de deux variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) à l'infection par *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* agent causal de l'oïdium. *Synthèse: Revue des Sciences et de la Technologie*, 25(1), 82-87.
- Baatour, O., M'rah, S., Ben Brahim, N., Boulesnem, F., Lachaal, M.** (2004). Réponse physiologique de la gesse (*Lathyrus sativus*) à la salinité du milieu. *Revue des Régions Arides*, 1, 346- 358.
- Bedon, F.** (2007). Structure génique et caractérisation fonctionnelle de facteurs de transcription MYB-R2R3 impliqués dans la formation du xylème chez les conifères (Doctoral dissertation, Université de Toulouse, Université Toulouse III-Paul Sabatier).
- Belkharouch, H., Benbelkacem, A., Bouzerzour, H., Benmahammed, A.** (2015). Flag leaf and awns ablation and spike shading effects on spike yield and kernel weight of durum wheat (*Triticum turgidum* L. var. *durum*) under rainfed conditions. *Adv Environ Biol* 9: 184–191.
- Ben Khaled, L. B., Ouarraqi, E. M., & Zid, E.** (2007). Impact du NaCl sur la croissance et la nutrition de la variété de blé dur Massa cultivée en milieu hydroponique. *Acta Botanica Gallica*, 154(1), 101-116.
- Ben Miled, D., Boussaid, M., Abdelkefi, A., & Cherif, A.** (1986). Tolérance au sel d'espèces annuelles du genre *Medicago* au cours de la germination. *Séminaire international sur les végétaux en milieu aride*, 8, 586-593.
- Ben Naceur, M., Chaabane, R., Sdiri, H., Meddahi, M.L., & Selmi, M.** (2001). Effet du stress salin sur la germination, la croissance et la production en grains de quelques variétés maghrébines de blé. *Science et changements planétaires Sécheresse*, 12(3), 167-174.
- Benata, H., Berrichi, A. B., Reda Tazi, M., Abdelmoumen, H., & Misbah, E. I. M.** (2006). Effet du stress salin sur la germination, la croissance et le développement de trois espèces légumineuses: *Acacia tortilis* var. *raddiana*, *Leucaena leucocephala* et *Prosopis juliflora*.

Références bibliographiques

- Benderradji, L.** (2013). Selection In vitro pour la tolérance aux stress salin et thermique chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.).
- Benderradji, L., Bouzerzour, H., Kellou, K., Ykhlef, N., Brini, F., Masmoudi, K., & Djekoun, A.** (2009). Etude des mécanismes de tolérance à la salinité chez deux variétés de blé tendre (*Triticum aestivum* L.) soumises à un stress salin. *Sciences & Technologie. C, Biotechnologies*, (32), 23-30.
- Benderradji, L., Hadji, N., Kellou, K., Benniou, R., & Brini, F.** (2016). Effet du NaCl et PEG 6000 sur le comportement morpho-physiologique et biochimique des variétés de blé dur et tendre cultivées in vitro en milieu hydroponique. *Agric, Numéro spécial*, 1, 278-286.
- Benidire, L., Daoui, K., Fatemi, Z. A., Achouak, W., Bouarab, L., & Oufdou, K.** (2015). Effet du stress salin sur la germination et le développement des plantules de *Vicia faba* L. (Effect of salt stress on germination and seedling of *Vicia faba* L.). *Journal of Materials and Environmental Science*, 6(3), 840-851.
- Benmahioul, B., Daguin, F., & Kaid-Harche, M.** (2009). Effet du stress salin sur la germination et la croissance in vitro du pistachier (*Pistacia vera* L.). *Comptes Rendus Biologies*, 332(8), 752-758.
- Benseddik, B., & Benabdelli, K.** (2000). Impact du risque climatique sur le rendement du blé dur (*Triticum durum* Desf.) en zone semi-aride: approche éco-physiologique. *Science et changements planétaires/Sécheresse*, 11(1), 45-51.
- Bentouati, I., & Safsaf, H.** (2019). Effet du chlorure de sodium (NaCl) sur la germination et les paramètres de croissance du blé (*Triticum* sp) (Doctoral dissertation).
- Benyahia, Y.** (2017). Étude de la germination des graines du *Pistacia atlantica* Desf. (Pistachier de l'Atlas). Master, université de Mostaganem.
- Beroud, C.** (2010). Bases de données et outils bioinformatiques utiles en génétique. Collège National des Enseignants et Praticiens de Génétique Médicale, Univ. Médicale Virtuelle Francophone, 3-6.
- Bewley, J.D., Black, M.** (1994). *Seeds: Physiology of development and germination*. Plenum Press, New-York.
- Bhandal, I. S., & Malik, C. P.** (1988). Potassium estimation, uptake, and its role in the physiology and metabolism of flowering plants. In *International review of cytology* (Vol. 110, pp: 205-254). Academic Press.
- Bliss, R. D., Platt-Aloia, K. A., & Thomson, W. W.** (1986). Osmotic sensitivity in relation to salt sensitivity in germinating barley seeds. *Plant, Cell & Environment*, 9(9), 721-725.

Références bibliographiques

- Bogard, M.** (2011). Analyse génétique et écophysiological de l'écart à la relation teneur en protéines-rendement en grains chez le blé tendre (*Triticum aestivum* L.) (Doctoral dissertation).
- Boumdouha, S., & Krim, K.** (2019). Quelques Caractères physiologiques et morphologiques de tolérance de blé dur (*Triticum durum* Desf.) de deux génotype (Waha et GTA) à la salinité (Doctoral dissertation, Université Mohamed Boudiaf de M' Sila).
- Camara, B., Sanogo, S., Cherif, M., & Kone, D.** (2018). Effet du stress salin sur la germination des graines de trois légumineuses (*Phaseolus vulgaris*, *Glycine max* et *Vigna unguiculata*). *Journal of Applied Biosciences*, 124, 12424-12432.
- Cao, Z. H., Zhang, S. Z., Wang, R. K., Zhang, R. F., & Hao, Y. J.** (2013). Genome wide analysis of the apple MYB transcription factor family allows the identification of MdoMYB121 gene conferring abiotic stress tolerance in plants. *PLoS One*, 8(7), e69955.
- Chadli, R.** (2007). Contribution à l'étude des réponses physiologiques, anatomiques et cytogénétiques de la fève (*Vicia faba* L.) Thèse de Doctorat. Université Es-Sénia Oran. 120p.
- Charles, M.** (2010). Evolution des génomes du blé (genres *aegilops* et *Triticum*) au sein des Poaceae: dynamique rapide de l'espace occupé par les éléments transposables et conservation relative des gènes (Doctoral dissertation, Evry-Val d'Essonne). p8.
- Chaussat, R.** (1999). *Productions végétales: Croissance et Développement des Plantes*. Ed., Paris.
- Chaussat, R., & Bouinot, D.** (1984). The physiological predetermination of cereal seeds [modifications of germination ability provoked by conditions under which seeds are produced: dormancy Germination and dormancy of cereal seeds]. [French]. *Comptes Rendus des Seances de l'Academie d'Agriculture de France*.
- Chebbi, M.** (2015). Implication de facteurs de transcription de type doigt de zinc et de la famille des WRKY dans la régulation de la voie du MEP et de la biosynthèse des alcaloïdes indoliques monoterpéniques de *Catharanthus roseus* (Doctoral dissertation, Tours).
- Côme, D.** (1970). Les obstacles à la germination. In *Bulletin mensuel de la Société linnéenne de Lyon*. Ed, Paris, pp : 162.
- Côme, D.** (1982). Germination. Croissance et développement, *Physiologie végétale II*. Hermann, Paris, 129-225.
- Dadach, M.** (2016). Recherche des conditions optimales de la germination des graines de quelques labiées du mont de Tessala (Ouest Algérien) et perspectives de conservation (Doctoral dissertation).

Références bibliographiques

- Dai, X., Xu, Y., Ma, Q., Xu, W., Wang, T., Xue, Y., & Chong, K.** (2007). Overexpression of an R 1R2R3 MYB gene, OsMYB3R-2, increases tolerance to freezing, drought, and salt stress in transgenic Arabidopsis. *Plant physiology*, 143(4), 1739-1751.
- Daroui, E. A., Boukroute, A., Kouddane, N. E., & Berrichi, A.** (2013). Effet de la salinité sur la germination et la croissance in vitro du *Washingtonia filifera* L. *Nature & Technology*, (8), 32A.
- Debiton, C.** (2010). Identification des critères du grain de blé (*Triticum aestivum* L.) favorables à la production de bioéthanol par l'étude d'un ensemble de cultivars et par l'analyse protéomique de lignées isogéniques waxy (Doctoral dissertation).
- Djerah, A., & Oudjehih, B.** (2016). Effet du stress salin sur la germination de seize variétés d'orge (*Hordeum vulgare* L.). *Courrier du Savoir*, 20, 47-56.
- Djermoun, A.** (2009). La production céréalière en Algérie: les principales caractéristiques. *Nature & Technology*, (1), 45.
- Dubos, C., Stracke, R., Grotewold, E., Weisshaar, B., Martin, C., & Lepiniec, L.** (2010). MYB transcription factors in Arabidopsis. *Trends in plant science*, 15(10), 573-581.
- El Midaoui, M., Benbella, M., Aït Houssa, A., Ibriz, M., & Talouizte, A.** (2007). Contribution à l'étude de quelques mécanismes d'adaptation à la salinité chez le tournesol cultivé (*Helianthus annuus* L.). *Revue HTE*, 136, 29-34.
- Fahad, S., Hussain, S., Matloob, A., Khan, F. A., Khaliq, A., Saud, S., & Faiq, M.** (2015). Phytohormones and plant responses to salinity stress: a review. *Plant growth regulation*, 75(2), 391-404.
- Feillet, P.** (2000). Le grain de blé: composition et utilisation. Editions Quae.
- Fortin, É.** (2012). Rôle du facteur de transcription MYB14 dans la réponse de défense chez l'épinette blanche.
- Frank, B.** (2007). Structure génique et caractérisation fonctionnelle de facteurs de transcription myb-r2r3 impliqués dans la formation du xylème chez les conifères (doctoral dissertation, université paul sabatier toulouse III).
- Fuller, M. P., Hamza, J. H., Rihan, H. Z., & Al-Issawi, M.** (2012). Germination of primed seed under NaCl stress in wheat. *International Scholarly Research Notices*, 2012.
- Ghandour, M.** (2016). Mécanismes biochimiques et moléculaire de tolérance au stress hydrique chez les plantes. Université Mohamed V, Rabat.
- Ghrib, C. D., Gharbi, F., Rejeb, S., Khoudja, L., & Rejeb, M. N.** (2011). Tolérance à la salinité de trois espèces d'Eucalyptus aux stades germinatif et plantule. *European Journal of Scientific Research*, 50(2), 208-217.

Références bibliographiques

- Golldack, D., Lüking, I., & Yang, O.** (2011). Plant tolerance to drought and salinity: stress regulating transcription factors and their functional significance in the cellular transcriptional network. *Plant cell reports*, 30(8), 1383-1391.
- Gomes, E., Prisco, J. T., Campos, F. A. P., & Eneas, J.** (1983). Effects of NaCl salinity in vivo and invitro on ribonuclease-activity of vigna-unguiculata cotyledons during germination. *Physiologia Plantarum*, 59(2), 183-188.
- Gorham, J.** (1993). Genetics and physiology of enhanced K/Na discrimination. In *Genetic aspects of plant mineral nutrition* (pp. 151-158). Springer, Dordrecht
- Greenway, H., & Munns, R.** (1980). Mechanisms of salt tolerance in nonhalophytes. *Annual review of plant physiology*, 31(1), 149-190.
- Gubler, F., Kalla, R., Roberts, J. K., & Jacobsen, J. V.** (1995). Gibberellin-regulated expression of a myb gene in barley aleurone cells: evidence for Myb transactivation of a high-pI alpha-amylase gene promoter. *The Plant Cell*, 7(11), 1879-1891.
- Hajlaoui, H., Denden, M., & Bouslama, M.** (2007). Etude de la variabilité intraspécifique de tolérance au stress salin du pois chiche (*Cicer arietinum* L.) au stade germination. *Tropicultura*, 25(3), 168-173.
- Hanana, M., Hamrouni, L., Cagnac, O., & Blumwald, E.** (2011). Mécanismes et stratégies cellulaires de tolérance à la salinité (NaCl) chez les plantes. *Environmental Reviews*, 19(NA), 121-140.
- Hasegawa, P. M., Bressan, R. A., Zhu, J. K., & Bohnert, H. J.** (2000). Plant cellular and molecular responses to high salinity. *Annual review of plant biology*, 51(1), 463-499.
- He, Y., Li, W., Lv, J., Jia, Y., Wang, M., & Xia, G.** (2012). Ectopic expression of a wheat MYB transcription factor gene, TaMYB73, improves salinity stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*, 63(3), 1511-1522.
- Higginson, T., Li, S. F., & Parish, R. W.** (2003). AtMYB103 regulates tapetum and trichome development in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 35(2), 177-192.
- Hofmann, K., Bucher, P., Falquet, L., & Bairoch, A.** (1999). The PROSITE database, its status in 1999. *Nucleic Acids Research*, 27(1), 215-219.
- Hopkins, W. G.** (2003). *Physiologie végétale* traduction de la 2^{ème} édition américaine par Serge Rambour; révision scientifique de Charles-Marie Evrard. De boeck, PP464, 465.
- Jakoby, M., Weisshaar, B., Dröge-Laser, W., Vicente-Carbajosa, J., Tiedemann, J., Kroj, T., & Parcy, F.** (2002). bZIP transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends in plant science*, 7(3), 106-111.

Références bibliographiques

- Jaouadi, W., Hamrouni, L., Souayah, N., & Khouja, M. L.** (2010). Étude de la germination des graines d'Acacia tortilis sous différentes contraintes abiotiques. Base.
- Jiang, C., Gu, J., Chopra, S., Gu, X., & Peterson, T.** (2004). Ordered origin of the typical two-and three-repeat Myb genes. *Gene*, 326, 13-22.
- Jin, H., & Martin, C.** (1999). Multi functionality and diversity within the plant MYB-gene family. *Plant molecular biology*, 41(5), 577-585.
- Kadri, K., Maalam, S., Cheikh, M. H., Benabdallah, A., Rahmoune, C., & Naceur, M. B.** (2009). Effet du stress salin sur la germination, la croissance et la production en grains de quelques accessions tunisiennes d'orge (*Hordeum Vulgarel.*). *Sciences & Technologie. C, Biotechnologies*, 72-79.
- Karoune, S.** 2016. Etude Ecophysiological et Phytochimique de deux espèces d'Acacia : *Acacia albida* et *Acacia raddiana*. Thèse de doctorat, Université Des Frères Mentouri Constantine, 187 p.
- Katlyar, A., Smita, S., Lenka, S. K., Rajwanshi, R., Chinnusamy, V., & Bansal, K. C.** (2012). Genome-wide classification and expression analysis of MYB transcription factor families in rice and Arabidopsis. *BMC genomics*, 13(1), 544.
- Khayatnezhad, M., & Gholamin, R.** (2011). Effects of water and salt stresses on germination and seedling growth in two durum wheat (*Triticum durum* Desf.) genotypes. *Sci Res Essays*, 6(21), 4597-4603.
- Kheloufi, A., & Mansouri, L. M.** (2017). Effet de l'acide sulfurique sur la germination d'un arbre fourrager *Acacia nilotica* (L.) subsp *tomentosa*. *Livestock Research for Rural Development*. 29, 2.
- Klempnauer, K. H., Gonda, T. J., & Bishop, J. M.** (1982). Nucleotide sequence of the retroviral leukemia gene *v-myb* and its cellular progenitor *c-myb*: the architecture of a transduced oncogene. *Cell*, 31(2), 453-463.
- Kranz, H. D., Denekamp, M., Greco, R., Jin, H., Leyva, A., Meissner, R. C., & Smeekens, S.** (1998). Towards functional characterisation of the members of the R2R3-MYB gene family from *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 16(2), 263-276.
- Lakhal, W.** (2013). Etude fonctionnelle de trois facteurs de transcription impliqués dans la formation de la paroi secondaire chez le peuplier (Doctoral dissertation).
- Layeb, A.** (2005). Approche quantique évolutionnaire pour l'alignement multiple de séquences en bioinformatique.

Références bibliographiques

- Lemekeddem, H., & Debbache, H.** (2013) Synthèse bibliographique sur l'effet du stress salin sur la germination de blé (Doctoral dissertation).
- Lemzeri, H.** (2006). Réponses écophysiologicals de trois espèces forestières du genre *Acacia*, *Eucalyptus* et *Schinus* (*A. cyanophylla*, *E. gomphocephala* et *S. mölle*) soumises à un stress salin. Mémoire de magistère, Université de Mentouri Constantine, 180.
- Levitt, J.** (1980). Responses of Plants to Environmental Stress, Volume 1: Chilling, Freezing, and High Temperature Stresses. Academic Press.
- Lev-Yadun, S., Gopher, A., & Abbo, S.** (2000). The cradle of agriculture. *Science*, 288(5471), 1602-1603.
- Li, C., Ng, C. K. Y., & Fan, L. M.** (2015). MYB transcription factors, active players in abiotic stress signaling. *Environmental and Experimental Botany*, 114, 80-91.
- Lopes, M. S., Reynolds, M. P., Jalal-Kamali, M. R., Moussa, M., Feltaous, Y., Tahir, I. S. A., & Baum, M.** (2012). The yield correlations of selectable physiological traits in a population of advanced spring wheat lines grown in warm and drought environments. *Field Crops Research*, 128, 129-136.
- Lopez-Maestre, H.** (2017). Analyses et méthodes pour les données transcriptomiques issues d'espèces non modèles: variation de l'expression des éléments transposables (et des gènes) et variants nucléotidiques (Doctoral dissertation).
- Louali, Y., & Djekoun, A.** (2016). Production de génotypes mutants chez le blé dur (*Triticum durum*) (Doctoral dissertation).
- Mahjoub, H.** (2018). Nouvelle Stratégie d'Amélioration de la productivité végétale en conditions de stress environnemental via un meilleur contrôle du cycle cellulaire. Thèse cotutelle université de Strasbourg et université de Sfax.
- Maillard, J.** (2001). Le point sur l'irrigation et la salinité des sols en zone aride: Risques et Recommandations. Handicap International.
- Manchanda, G., & Garg, N.** (2008). Salinity and its effects on the functional biology of legumes. *Acta Physiologiae Plantarum*, 30(5), 595-618.
- Martin, C., & Paz-Ares, J.** (1997). MYB transcription factors in plants. *Trends in Genetics*, 13(2), 67-73.
- Mefiti, M., Bouzerzour, H., Abdelguerfi, A., & Nouar, H.** (2008). Morphological and growth characteristics of perennial grass cultivars grown under semi-arid conditions of the Algerian high plateaus. *Journal of agronomy*, 7(2), 138-147.

Références bibliographiques

- Megherbi, A., Mehdadi, Z., Toumi, F., Moueddene, K., & Bouadjra, S. E. B.** (2012). Tolérance à la sécheresse du blé dur (*Triticum durum* Desf.) et identification des paramètres morfo-physiologiques d'adaptation dans la région de Sidi Bel-Abbès (Algérie occidentale). *Acta botanica gallica*, 159(1), 137-143.
- Mesrane, D.** (2018). L'évolution de la production de blé dur (*Triticum durum*) dans la Daïra de Bouira et El Hachimia (Doctoral dissertation, Université de Bouira).
- Mirmazloun, S. I., Szabo, K., PoorKalhor, V., & Németh, É.** (2010). Effects of different levels of NaCl and CaCl₂ on seed germination characteristics of *Melissa officinalis* L. and *Ocimum basilicum* L. *International Journal of Horticultural Science*, 16(5), 21-25.
- Mouhaya, W.** (2008). Caractérisation physiologique et moléculaire de la tolérance au stress salin chez les porte-greffe tetraploïdes d'agrumes (Doctoral dissertation, Université de Corse)
- Moule, C.** (1971). Céréales. La Maison rustique.Paris.
- Moussa, O., Fatine, M., Driss, H., Houda, E., Lahcen, Z., & Ahmed, D.** (2014).Effet du Chlorure de Sodium (NaCl) sur les Paramètres de Germination du blé Tendre (*Triticumaestivum* L.).
- Munns, R., James, R. A., & Läuchli, A.** (2006). Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *Journal of experimental botany*, 57(5), 1025-1043.
- Nasri, S.** (2014). Effet de la contrainte saline sur la germination et la croissance de quelques provenances algériennes d'arganier (*Argania spinosa* L.) (Doctoral dissertation).
- Ndour, P., & Danthu, P.** (1996). Effet des contraintes hydrique et saline sur la germination de quelques acacias africains. L'acacia au Sénégal, C. Campa, C. Grignon, M. Gueye, S. Hamon, and DS L'Acacia au Sénégal: Réunion Thématique, 12, 03-05.
- Needleman, S. B., & Wunsch, C. D.** (1970). A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins. *Journal of molecular biology*, 48(3), 443-453.
- Nguyen, C. T.** (2012). Identification et caractérisation d'un canal chlorure, AtCLCg, impliqué dans la réponse au stress salin chez *Arabidopsis thaliana* (Doctoral dissertation, Paris 11).
- Nibau, C., Gibbs, D.J. & Coates, J.C.** (2008). Branching out in new directions: the control of root architecture by lateral root formation. *New Phytologist*, 179(3), 595-614.
- Nivot, N.** (2005). Essais de germination et de bouturage de six espèces indigenes sciaphytes du Canada. Université Laval.
- Noda, K. I., Glover, B. J., Linstead, P., & Martin, C.** (1994). Flower colour intensity depends on specialized cell shape controlled by a Myb-related transcription factor. *Nature*, 369(6482), 661-664.

Références bibliographiques

- Okçu, G., Kaya, M. D., & Atak, M.** (2005). Effects of salt and drought stresses on germination and seedling growth of pea (*Pisum sativum* L.). *Turkish journal of agriculture and forestry*, 29(4), 237-242.
- Orchard, T. J.** (1977). Estimating the parameters of plant seedling emergence. *Seed science and technology*.
- OS, O., Babaleye, O. A., & Ajayi, A. T.** (2019). Variation in Seedling Vigour of Rice (*Oryza Sativa* L) Genotypes Treated With Sodium Chloride Solution.
- Osborne, J. M., Fox, J. E. D., & Mercer, S.** (1993). Germination response under elevated salinities of six semi-arid bluebush species (Western Australia). In *Towards the rational use of high salinity tolerant plants* (pp. 323-338). Springer, Dordrecht.
- Osmane, S.** (2009). Effets du stress salin sur la croissance et la physiologie de deux variétés de vigna unguiculata L (Doctoral dissertation).
- Ouhaddach, M., Hmouni, M.F., ElYacoubi, D., Zidane, H., Douaik, L., & Rochdi-Atmane, A.** (2015). Effet du Chlorure de Sodium (NaCl) sur les Paramètres de Germination du blé Tendre (*Triticum aestivum* L.). *European Journal of Scientific Research*, 127(3), 298-310.
- Paz-Ares, J., Ghosal, D., Wienand, U., Peterson, P. A., & Saedler, H.** (1987). The regulatory c1 locus of *Zea mays* encodes a protein with homology to myb proto-oncogene products and with structural similarities to transcriptional activators. *The EMBO Journal*, 6(12), 3553-3558.
- Poormohammad Kiani, S.** (2007). Analyse génétique des réponses physiologiques du tournesol (*Helianthus annuus* L.) soumis à la sécheresse (Doctoral dissertation).
- Prado, F. E., Boero, C., Gallardo, M. R. A., & González, J. A.** (2000). Effect of NaCl on growth germination and soluble sugars content in *Chenopodium quinoa* Willd. seeds.
- Rabinowicz, P. D., Braun, E. L., Wolfe, A. D., Bowen, B., & Grotewold, E.** (1999). Maize R2R3 Myb genes: sequence analysis reveals amplification in the higher plants. *Genetics*, 153(1), 427-444.
- Radhouane, L.** (2007). Response of Tunisian autochthonous pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) to drought stress induced by polyethylene glycol (PEG) 6000. *African journal of biotechnology*, 6(9).
- Rahaie, M., Xue, G. P., Naghavi, M. R., Alizadeh, H., & Schenk, P. M.** (2010). A MYB gene from wheat (*Triticum aestivum* L.) is up-regulated during salt and drought stresses and differentially regulated between salt-tolerant and sensitive genotypes. *Plant Cell Reports*, 29(8), 835-844.

Références bibliographiques

- Rejili, M., Vadel, A. M., & Neffati, M.** (2006). Comportements germinatifs de deux populations de *Lotus creticus* (L.) en présence du NaCl. *Revue des régions arides*, (17), 65-78.
- Riechmann, J. L., & Meyerowitz, E. M.** (1998). The AP2/EREBP family of plant transcription factors. *Biological chemistry*, 379, 633-646.
- Roeder, V.** (2006). Recherche et étude de marqueurs moléculaires de la réponse au stress chez l'algue brune *Laminaria digitata* (Doctoral dissertation).
- Romero, I., Fuertes, A., Benito, M. J., Malpica, J. M., Leyva, A., & Paz-Ares, J.** (1998). More than 80R2R3-MYB regulatory genes in the genome of *Arabidopsis thaliana*. *The Plant journal: for cell and molecular biology*, 14(3), 273-284.
- Ruel, T.** (2006). Document sur la culture du blé, édition Educagri.
- Sakuma, Y., Liu, Q., Dubouzet, J. G., Abe, H., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K.** (2002). DNA-binding specificity of the ERF/AP2 domain of *Arabidopsis* DREBs, transcription factors involved in dehydration-and cold-inducible gene expression. *Biochemical and biophysical research communications*, 290(3), 998-1009.
- Salmi, M., & Merbah, S.** (2015). Etude de la qualité globale de semoules du commerce Algérien Mémoire D'ingeniorat en agronomie specialite: technologie alimentaire.
- Sapara, V. I., Savage, E., Anale, A.O., & Bryl, C.A.** (1991). Varieties differences of wheat and tritical to water Stress. *J .Agron. Crop. Sci.*, 167: 23-28.
- Sassi, K., Abid, G., Jemni, L., Dridi-Al Mohandes, B., & Boubaker, M.** (2012). Étude comparative de six variétés de blé dur (*Triticum durum*. Desf.) vis-à-vis du stress hydrique. *Journal of Animal & Plant Science*. 15(2): 2157-2170.
- Scott, S. J., Jones, R. A., & Williams, W.** (1984). Review of Data Analysis Methods for Seed Germination 1. *Crop science*, 24(6), 1192-1199.
- Sebane, R. F.** (2015). Action combine de la salinité et de l'acide salicylique sur les réponses biochimiques de deux espèces: *Atriplex halimus* L. et *Atriplex canescens* (Pursh) Nutt. Master Science de la Vie et de la Terre, Université d'Oran, Algérie.
- Sellami Jallouli, S.** (2019). Etude de homéostasie des sucres en réponse à une forte salinité chez *Arabidopsis thaliana*: impact sur l'anatomie des tissus vasculaires dans la hampe florale et rôle dans la tolérance (Doctoral dissertation, Université Paris-Saclay (ComUE).
- Seribli, H. E.** (2015). Développement et Implémentation d'un Solveur Bio-inspiré pour l'Alignement de Séquences Biologiques (Doctoral dissertation, Université Mohamed Boudiaf M'sila: Faculté des Mathématiques et de l'Informatique: Département d'Informatique).
- Shi, H., & Zhu, J. K.** (2002). Regulation of expression of the vacuolar Na⁺/H⁺ antiporter gene *AtNHX1* by salt stress and abscisic acid. *Plant molecular biology*, 50(3), 543-550.

Références bibliographiques

- Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K.** (2007). Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of experimental botany*, 58(2), 221-227.
- Siddikee, M. A., Sundaram, S., Chandrasekaran, M., Kim, K., Selvakumar, G., & Sa, T.** (2015). Halotolerant bacteria with ACC deaminase activity alleviate salt stress effect in canola seed germination. *Journal of the Korean Society for Applied Biological Chemistry*, 58(2), 237-241.
- Silva, P., & Gerós, H.** (2009). Regulation by salt of vacuolar H⁺ ATPase and H⁺ pyrophosphatase activities and Na⁺/H⁺ exchange. *Plant signaling & behavior*, 4(8), 718-726.
- Simmons, S. R., Oelke, E. A., & Anderson, P. M.** (1995). *Growth and development guide for spring wheat*. University of Minnesota.
- Slama, A., Ben Salem, M., Ben Naceur, M., & Zid, E.** (2005). Les céréales en Tunisie: production, effet de la sécheresse et mécanismes de résistance. *Sécheresse*, 16(3), 225-229.
- Stracke, R., Werber, M., & Weisshaar, B.** (2001). The R2R3-MYB gene family in *Arabidopsis thaliana*. *Current opinion in plant biology*, 4(5), 447-456.
- Tagu, D., & Risler, J. L.** (2010). *Bio-informatique: Principes d'utilisation des outils*. Editions Quae.
- Tahri El Houssine, A. B., & Sadki, K.** (1998). Effet d'un stress osmotique sur l'accumulation de proline, de chlorophylle et des ARNm codant pour la glutamine synthétase chez trois variétés de blé dur (*Triticum durum*). *Bulletin de l'Institut Scientifique, Rabat*, 1997(21), 81-87.
- Tebbal, K.** (2018). Étude moléculaire de protéines impliquées dans l'adaptation du blé dur (*Triticum durum* Desf.) au stress hydrique (Approche in silico).
- Trocchi, A., Borrelli, G. M., De Vita, P., Fares, C., & Di Fonzo, N.** (2000). Mini review: durum wheat quality: a multidisciplinary concept. *Journal of Cereal Science*, 32(2), 99-113.
- Tuteja, N.** (2009). Cold, salinity, and drought stress. *Plant stress biology: from genomics to systems biology*, 137-159.
- Urao, T., Yakubov, B., Satoh, R., Yamaguchi-Shinozaki, K., Seki, M., Hirayama, T., & Shinozaki, K.** (1999). Transmembrane hybrid-type histidine kinase in *Arabidopsis* functions as an osmosensor. *The Plant Cell*, 11(9), 1743-1754.
- Urao, T., Yamaguchi-Shinozaki, K., Urao, S., & Shinozaki, K.** (1993). An *Arabidopsis* myb homolog is induced by dehydration stress and its gene product binds to the conserved MYB recognition sequence. *The Plant Cell*, 5(11), 1529-1539.
- Vert, J. P.** (2013). Les applications industrielles de la bioinformatique. In *Annales des Mines Realites industrielles*, (1), pp: 17-23. ESKA.

Références bibliographiques

- Wang, W., Vinocur, B., & Altman, A.** (2003). Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*, 218(1), 1-14.
- Weston, K., & Bishop, J. M.** (1989). Transcriptional activation by the v-myb oncogene and its cellular progenitor, c-myb. *Cell*, 58(1), 85-93.
- Yang, A., Dai, X., & Zhang, W. H.** (2012). A R2R3-type MYB gene, OsMYB2, is involved in salt, cold, and dehydration tolerance in rice. *Journal of experimental botany*, 63(7), 2541-2556.
- Yildirim, E., & Güvenç, İ.** (2006). Salt tolerance of pepper cultivars during germination and seedling growth. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 30(5), 347-353.
- Zhang, L., Zhao, G., Jia, J., Liu, X., & Kong, X.** (2012). Molecular characterization of 60 isolated wheat MYB genes and analysis of their expression during abiotic stress. *Journal of Experimental Botany*, 63(1), 203-214.
- Zhu, J. K.** (2001). Plant salt tolerance. *Trends in plant science*, 6(2), 66-71.
- Zhu, J. K.** (2002). Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual review of plant biology*, 53(1), 247-273.
- Zhu, J. K.** (2003). Regulation of ion homeostasis under salt stress. *Current opinion in plant biology*, 6(5), 441-445

Annexes

Annexes

Tableaux de l'analyse de variance à deux facteurs fixes des paramètres étudiés

Annexe .1.

Tableau 1 : Comparaison des moyennes du taux de germination final (G, %) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée $V \times N$.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	1408.333	352,083	46,944	< 0,0001
Génotypes (G)	1	67.500	67,500	9,000	0,007
Traitements*Génotypes	4	61,667	15,417	2,056	0,125

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .2.

Tableau 2 : Comparaison des moyennes du taux de germination moyenne journalière (MDG, %) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée $V \times N$.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	20,178	5,044	29,560	< 0,0001
Génotypes (G)	1	6,797	6,797	39,831	< 0,0001
Traitements*Génotypes	4	6,132	1,533	8,984	0,158

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .3.

Tableau 3: Comparaison des moyennes de la vitesse de germination (VG) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	302,725	75,681	92,421	< 0,0001
Génotypes (G)	1	13,995	13,995	17,090	0,001
Traitements*Génotypes	4	6,498	1,625	1,984	0,136

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .4.

Tableau 4: Comparaison des moyennes d'indice de la germination (GI) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	741,950	185,488	95,735	< 0,0001
Génotypes (G)	1	38,533	38,533	19,888	0,000
Traitements*Génotypes	4	14,383	3,596	1,856	0,158

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .5.

Tableau 5 : Comparaison des moyennes du taux de tolérance au stress de la germination (GSI, %) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	1641,950	1101.40	105,735	< 0,0001
Génotypes (G)	1	25032.69	25032.69	10,888	0,000
Traitements*Génotypes	4	414,83	235.49	2,856	0,158

Annexe .6.

Tableau 6 : Comparaison des moyennes de la longueur des feuilles (LF) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	403,342	100,835	446,049	< 0,0001
Génotypes (G)	1	15,437	15,437	68,286	< 0,0001
Traitements*Génotypes	4	2,445	0,611	2,703	0,060

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .7.

Tableau 7 : Comparaison des moyennes de la longueur racinaire (LR) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	241,736	60,434	149,220	< 0,0001
Génotypes (G)	1	6,302	6,302	15,561	0,001
Traitements*Génotypes	4	4,818	1,204	2,974	0,044

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .8.

Tableau 8 : Comparaison des moyennes de la longueur du coléoptile (LC) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	50,044	12,511	466,016	< 0,0001
Génotypes (G)	1	21,118	21,118	786,602	< 0,0001
Traitements*Génotypes	4	1,882	0,470	17,521	< 0,0001

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Annexe .9.

Tableau 9 : Comparaison des moyennes de nombre des racines (NBR) obtenues à partir des différents traitements de stress appliqués aux deux variétés de blé dur. Résultats du test de l'analyse de la variance à deux facteurs fixe de classification modèle linéaire généralisée V×N.

Source	ddl	Somme des carrés	Carré moyen	F de Fisher	Pr > F
Traitements (T)	4	14,658	3,665	114,516	< 0,0001
Génotypes (G)	1	0,408	0,408	12,760	0,002
Traitements*Génotypes	4	0,383	0,096	2,995	0,043

ns : effet non significatif, * : effet significatif $p < 0,05$, ** : effet hautement significatif $p < 0,01$, *** : effet très hautement significatif $p < 0,001$.

Année universitaire :
2019/2020

Présenté par :
DJOUABLI Ahlem

INTITULÉ : Analyse comparative de la réponse de deux variétés de blé dur (*Triticum durum* Desf.) au stade germination et recherche *in silico* de gènes MYB impliqués dans l'adaptation à la salinité.

Mémoire de fin de cycle pour l'obtention du diplôme de Master en **Biotechnologie et Génomique Végétale**.

Résumé :

La salinité est un problème largement répandu qui influence sérieusement la production et la qualité du blé dans le monde. C'est l'un des principaux stress abiotiques limitant la productivité du blé dur (*Triticum durum* Desf.) en Algérie. L'étude a porté sur la réponse au stress salin au stade germination de deux variétés de blé dur cultivées en Algérie. L'expérimentation a été réalisée dans une chambre de culture à température et à photopériode contrôlées. Les graines ont été mises à germer dans des boîtes de Pétri contenant des concentrations croissantes en sel (NaCl) allant de 0, 3, 6, 9, 12 g/l. Différents paramètres ont été considérés : taux de germination finale, cinétique de germination, germination moyenne journalière, vitesse de germination, longueur racinaire et foliaire, longueur du coléoptile, nombre de racines, réversibilité de l'action du sel ainsi que deux indices de germinations. L'application d'une pression de sélection par ajout de NaCl a eu un effet dépressif sur le taux de germination ainsi que sur la croissance biologique des plantules. Cependant, cet effet varie en fonction de l'intensité du stress et de la variété en question. La variété Belioni s'est montrée la plus tolérante au stress salin comparativement à la variété Waha qui s'est montrée la moins tolérante. Une approche *in silico* a également été employée afin de caractériser des gènes appartenant à la famille des facteurs de transcription MYB jouant un rôle potentiel dans la réponse mise en place face à la salinité.

Mots clés : Blé dur, stress salin, germination, NaCl, recherche *in silico*.

Laboratoire de recherche : Génétique, Biochimie et Biotechnologies Végétales (GBBV).

Jury d'évaluation :

Président du jury :	Mr. KELLOU Kamel	MAA, UFM-Constantine 1.
Rapporteur :	Melle. HAMPLA Chourouk	MCB, UFM-Constantine 1.
Examineur :	Mr. TEMAGOULT Mahmoud	MAA, UFM-Constantine 1.

Date de soutenance : 08-10-2020